



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2024년01월10일

(11) 등록번호 10-2622411

(24) 등록일자 2024년01월03일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

C12N 15/86 (2006.01) A61K 48/00 (2006.01)

C12N 15/10 (2017.01) C12N 15/62 (2006.01)

C12N 7/00 (2006.01) C12N 9/22 (2006.01)

C12N 9/78 (2006.01)

(52) CPC특허분류

C12N 15/86 (2013.01)

A61K 48/00 (2024.01)

(21) 출원번호 10-2019-7013648

(22) 출원일자(국제) 2017년10월13일

심사청구일자 2020년10월13일

(85) 번역문제출일자 2019년05월13일

(65) 공개번호 10-2019-0065403

(43) 공개일자 2019년06월11일

(86) 국제출원번호 PCT/US2017/056671

(87) 국제공개번호 WO 2018/071868

국제공개일자 2018년04월19일

(30) 우선권주장

62/408,575 2016년10월14일 미국(US)

62/475,780 2017년03월23일 미국(US)

(56) 선행기술조사문헌

Nucleic Acids Res. Vol.43, No.13,
pp.6450-6458(2015.06.16.)*Nat. Methods, Vol.13, No.10,
pp.868-874(2016.09.05.)*Sci. Rep., Vol.5, No.1,
srep10777(2015.07.01.)*

*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자

프레지던트 앤드 펠로우즈 오브 하바드 칼리지

미합중국, 메사추세츠 02138, 캠브리지, 퀸시스트
리트17

(72) 발명자

리우, 데이비드, 알.

미국 02420 매사추세츠주 렉싱턴 휘트먼 서클 3

레비, 조나단, 마

미국 02120 매사추세츠주 보스턴 세이츨 스트리트
20

예, 웨이, 시

미국 02138 매사추세츠주 캠브리지 카우퍼스웨이
트 스트리트 5

(74) 대리인

양영준, 김영

전체 청구항 수 : 총 24 항

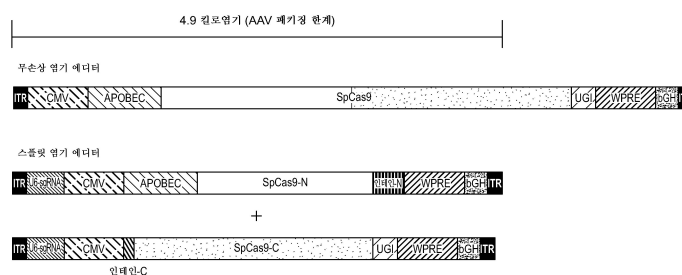
심사관 : 전명숙

(54) 발명의 명칭 핵염기 에디터의 AAV 전달

(57) 요약

"스플릿" Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를, 예를 들어, 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)를 통해 세포 내로 전달하여, 완전 및 기능적 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 형성하는 방법이 본원에 제공된다. Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터는 2개 섹션으로 스플릿되며, 각각은 인테인 시스템 (예를 들어, 각각 dnaEn 및 dnaEc에 의해 (뒷면에 계속)

대표도



코딩되는 인테인-N 및 인테인-C)의 하나의 파트와 융합된다. 공동-발현 시, Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 2개 섹션은 인테인-매개 단백질 스플라이싱을 통해 함께 라이게이션된다. 스플릿 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 전달을 위한 재조합 AAV 벡터 및 입자, 및 이러한 AAV 벡터 및 입자를 사용하는 방법이 또한 제공된다.

(52) CPC특허분류

C12N 15/102 (2013.01)

C12N 15/62 (2013.01)

C12N 7/00 (2013.01)

C12N 9/22 (2013.01)

C12N 9/78 (2013.01)

C12Y 305/04001 (2013.01)

C07K 2319/09 (2013.01)

C07K 2319/92 (2013.01)

C12N 2310/20 (2017.05)

명세서

청구범위

청구항 1

(i) 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 핵염기 에디터의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 핵산 분자; 및

(ii) 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 핵산 분자를 포함하는 조성물이며,

여기서 상기 핵염기 에디터는 Cas9 단백질에 융합된 핵염기 변형 효소를 포함하고;

여기서 Cas9 단백질의 N-말단 부분이 서열식별번호: 1의 아미노산 1-573 또는 1-637에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분과 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 2

제1항에 있어서, 핵염기 에디터가 촉매적 불활성 Cas9 또는 Cas9 니카제의 N-말단에 융합된 시토신 데아미나제를 포함하는 것인 조성물.

청구항 3

제2항에 있어서, 시토신 데아미나제가 APOBEC1, APOBEC3, AID, 및 pmCDA1로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 조성물.

청구항 4

제1항 내지 제3항 중 어느 한 항에 있어서, 핵염기 에디터가 우라실 글리코실라제 억제제 (UGI)를 추가로 포함하는 것인 조성물.

청구항 5

제4항에 있어서, UGI가 서열식별번호: 299-302 중 어느 하나의 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 6

제1항 내지 제3항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 핵산 분자 및 제2 핵산 분자가 2개의 상이한 벡터 상에 있는 것인 조성물.

청구항 7

제6항에 있어서, 2개의 상이한 벡터 각각이 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)의 게놈인 조성물.

청구항 8

제7항에 있어서, 상기 2개의 상이한 벡터 각각이 rAAV 입자 내에 패키징되는 것인 조성물.

청구항 9

제1항에 있어서, 인테인-N이 서열식별번호: 351 또는 355에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 10

제1항에 있어서, 인테인-C가 서열식별번호: 353 또는 357에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 11

제1항에 있어서, 제1 핵산 분자 또는 제2 핵산 분자가 프로모터에 작동가능하게 연결된 가이드 RNA (gRNA)를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 추가로 포함하는 것인 조성물.

청구항 12

제1항에 있어서, 제1 핵산 분자, 제2 핵산 분자 또는 양자 모두가 전사 종결인자를 추가로 포함하는 것인 조성물.

청구항 13

제12항에 있어서, 전사 종결인자가 bGH 유전자, hGH 유전자, 또는 SV40 유전자로부터의 전사 종결인자인 조성물.

청구항 14

제12항에 있어서, 제1 핵산 분자, 제2 핵산 분자, 또는 양자 모두가 전사 종결인자의 5'에 삽입된 우드척 간염 전사후 조절 요소 (WPRE)를 추가로 포함하는 것인 조성물.

청구항 15

제1항의 조성물을 포함하는 단리된 세포.

청구항 16

제15항에 있어서, 핵염기 에디터의 코딩된 N-말단 부분 및 핵염기 에디터의 코딩된 C-말단 부분이 세포 내에서 함께 연합되어 핵염기 에디터를 형성하는 것인 단리된 세포.

청구항 17

제15항에 있어서, 세포가 효모 세포, 식물 세포, 또는 포유동물 세포인 단리된 세포.

청구항 18

제15항에 있어서, 세포가 인간 세포인 단리된 세포.

청구항 19

세포를 제1항의 조성물과 접촉시키는 것을 포함하며, 여기서 접촉시키는 것은 제1 핵산 분자 및 제2 핵산 분자의 세포 내로의 전달을 초래하고, 여기서 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 연합되어 핵염기 에디터를 형성하는 것인 시험관내 또는 생체의 방법.

청구항 20

제1항에 있어서, 낭성 섬유증, 페닐케톤뇨, 표피박리 과다각화증 (EHK), 만성 폐쇄성 폐 질환 (COPD), 샤르코-마리-투스병 유형 4J., 신경모세포종 (NB), 폰 빌레브란트병 (vWD), 선천성 근긴장증, 유전성 신장 아밀로이드증, 확장성 심근병증, 유전성 림프부종, 가족성 알츠하이머병, 프리온병, 만성 영아 신경계 피부 관절 증후군 (CINCA), 및 테스민-관련 근병증 (DRM)으로 이루어진 군으로부터 선택되는 대상체에서의 질환 또는 장애의 치료에서 사용하기 위한 조성물.

청구항 21

제15항에 있어서, 의약으로서 사용하기 위한 단리된 세포.

청구항 22

제15항에 있어서, 낭성 섬유증, 페닐케톤뇨, 표피박리 과다각화증 (EHK), 만성 폐쇄성 폐 질환 (COPD), 샤르코-마리-투스병 유형 4J., 신경모세포종 (NB), 폰 빌레브란트병 (vWD), 선천성 근긴장증, 유전성 신장 아밀로이드증, 확장성 심근병증, 유전성 림프부종, 가족성 알츠하이머병, 프리온병, 만성 영아 신경계 피부 관절 증후군 (CINCA), 및 테스민-관련 근병증 (DRM)으로 이루어진 군으로부터 선택되는 대상체에서의 질환 또는 장애의 치료에서 사용하기 위한 단리된 세포.

청구항 23

제1항에 있어서, 핵염기 에디터가 서열식별번호: 303-313 또는 399-406에 제시된 서열 중 어느 하나를 갖는 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 24

제1항에 있어서, 핵염기 에디터가 서열식별번호: 323-342, 458-478 또는 480에 제시된 서열 중 어느 하나를 갖는 아미노산 서열을 포함하는 것인 조성물.

청구항 25

삭제

청구항 26

삭제

청구항 27

삭제

청구항 28

삭제

청구항 29

삭제

청구항 30

삭제

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

청구항 60

삭제

청구항 61

삭제

청구항 62

삭제

청구항 63

삭제

청구항 64

삭제

발명의 설명

기술 분야

[0001] 관련 출원

[0002] 본 출원은 미국 가출원, 2016년 10월 14일에 출원된 U.S.S.N. 62/408,575, 및 2017년 3월 23일에 출원된 U.S.S.N. 62/475,780에 대해 35 U.S.C. § 119(e) 하에 우선권을 주장하며, 이들 각각은 본원에 참조로 포함된다.

[0003] 정부 지원

[0004] 본 발명은 국립 보건원에 의해 수여된 승인 번호 R35 GM118062 및 R01 EB022376 하의 정부 지원으로 이루어졌다. 정부는 본 발명에 특정 권리를 갖는다.

배경 기술

[0005] CRISPR/Cas9 시스템을 사용하는 정확한 게놈 표적화 기술은 최근에 유전자 요법을 포함한 광범위한 적용에서 탐구된 바 있다. 유전자 요법에서의 Cas9 및 Cas9-기반 게놈-에디팅 작용제의 적용에 대한 주요 한계는 Cas9의 크기 (>4 kb)이며, 이는 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)를 통한 그의 효율적 전달을 저해한다.

발명의 내용

- [0006] Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를, 예를 들어, 재조합 아데노-연관 바이러스 벡터를 통해 세포로 전달하기 위한 시스템, 조성물, 키트, 및 방법이 본원에 기재된다. 전형적으로 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터는 N-말단 부분 및 C-말단 부분으로 "스플릿"된다. Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 N-말단 부분 또는 C-말단 부분은 각각 인테인 시스템의 하나의 구성원에 융합될 수 있다. 생성된 융합 단백질은, 별개의 벡터 (예를 들어, 별개의 rAAV 벡터) 상에서 하나의 세포 내로 전달되고 공동-발현될 때, (예를 들어, 인테인-매개 단백질 스플라이싱을 통해) 연합되어 완전 및 기능적 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 형성할 수 있다. 스플릿 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 높은 발현 수준을 위한 전달 벡터에서의 조절 요소의 실험적 테스트가 본원에 추가로 제공된다.
- [0007] 본 개시내용의 일부 측면은 (i) Cas9 단백질의 N-말단 부분의 C-말단에 인테인-N에 융합된 Cas9 단백질의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오타이드 서열; 및 (ii) Cas9 단백질의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 조성물로서, 여기서 제1 뉴클레오타이드 서열 또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 적어도 하나의 2부분 핵 국제화 신호를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열에 작동가능하게 연결되는 것인 조성물을 제공한다.
- [0008] 일부 실시양태에서, Cas9 단백질의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 1-573 또는 1-637에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다. 일부 실시양태에서, Cas9 단백질의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 574-1368 또는 638-1368에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다. 일부 실시양태에서, 인테인-N은 서열식별번호: 350-351 및 354-355에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 서열식별번호: 352-353 및 356-357에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다.
- [0009] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오타이드 서열 또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 프로모터에 작동가능하게 연결된 가이드 RNA (gRNA)를 코딩하는 뉴클레오타이드를 추가로 포함한다.
- [0010] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오타이드 서열 또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 전사 종결인자를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 전사 종결인자는 bGH 유전자, hGH 유전자, 또는 SV40 유전자로부터의 전사 종결인자이다. 일부 실시양태에서, 전사 종결인자는 bGH 유전자로부터의 전사 종결인자이다.
- [0011] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오타이드 서열 또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 전사 종결인자의 5'에 삽입된 우드척 간염 전사후 조절 요소 (WPRE)를 추가로 포함한다.
- [0012] 일부 실시양태에서, 2부분 핵 국제화 신호는 하기로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다: KRPAATKKAGQAKKKK (서열식별번호: 344), KKTQLQTNAENKTKKL (서열식별번호: 345), KRGINDRNFWRGNGRKT (서열식별번호: 346), 및 RKSGKIAAIVVKPRK (서열식별번호: 347). 일부 실시양태에서, 2부분 핵 국제화 신호는 서열식별번호: 344에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다.
- [0013] 일부 실시양태에서, Cas9 단백질은 촉매적 불활성 Cas9 (dCas9) 또는 Cas9 니카제 (nCas9)이고, 여기서 (i)의 제1 뉴클레오타이드 서열은 Cas9 단백질의 N-말단 부분의 N-말단에 융합된 핵염기 변형 효소를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함한다.
- [0014] 일부 실시양태에서, Cas9 단백질은 촉매적 불활성 Cas9 (dCas9) 또는 Cas9 니카제 (nCas9)이고, 여기서 (ii)의 제2 뉴클레오타이드 서열은 Cas9 단백질의 C-말단 부분의 C-말단에 융합된 핵염기 변형 효소를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함한다.
- [0015] 일부 실시양태에서, 핵염기 변형 효소는 데아미나제이다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 시토신 데아미나제이다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 아데노신 데아미나제이다. 일부 실시양태에서, (ii)의 제2 뉴클레오타이드 서열은 제2 뉴클레오타이드 서열의 3' 단부에서 융합된 우라실 글리코실라제 억제제 (UGI)를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, (i)의 제1 뉴클레오타이드 서열은 제1 뉴클레오타이드 서열의 5' 단부에서 우라실 글리코실라제 억제제 (UGI)를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, UGI는 서열식별번호: 299-302의 아미노산 서열을 포함한다.
- [0016] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오타이드 서열 및 제2 뉴클레오타이드 서열은 상이한 벡터 상에 있다. 일부 실시양태에서, 상이한 벡터 각각은 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)의 계통이다. 일부 실시양태에서, 각각의 벡

터는 rAAV 입자 내에 패키징된다.

- [0017] 본 개시내용의 다른 측면은 (i) Cas9 단백질의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 Cas9 단백질의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오티드 서열을 포함하는 제1 재조합 아데노 연관 바이러스 (rAAV) 입자; 및 (ii) Cas9 단백질의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오티드 서열을 포함하는 제2 재조합 아데노 연관 바이러스 (rAAV) 입자를 포함하는 조성물로서, 여기서 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 적어도 하나의 2부분 핵 국제화 신호를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결되는 것인 조성물을 제공한다.
- [0018] 본원에 기재된 조성물을 포함하는 세포가 제공된다. 일부 실시양태에서, Cas9 단백질의 N-말단 부분 및 Cas9 단백질의 C-말단 부분은 함께 연합되어 Cas9 단백질을 형성한다. 일부 실시양태에서, 세포는 원핵 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 박테리아 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 진핵 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 효모 세포, 식물 세포, 또는 포유동물 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 인간 세포이다.
- [0019] 본원에 기재된 임의의 조성물을 포함하는 키트가 본원에 추가로 제공된다.
- [0020] 본 개시내용의 일부 측면은 (i) 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 핵염기 에디터의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오티드 서열; 및 (ii) 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오티드 서열을 포함하는 조성물을 제공한다.
- [0021] 일부 실시양태에서, 인테인-N은 서열식별번호: 350-351 및 354-355에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 서열식별번호: 352-353 및 356-357에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 프로모터에 작동가능하게 연결된 가이드 RNA (gRNA)를 코딩하는 뉴클레오티드를 추가로 포함한다.
- [0022] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 전사 종결인자를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 전사 종결인자는 bGH 유전자, hGH 유전자, 또는 SV40 유전자로부터의 전사 종결인자이다. 일부 실시양태에서, 전사 종결인자는 bGH 유전자로부터의 것이다.
- [0023] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 전사 종결인자의 5'에 삽입된 우드척 간염 전사후 조절 요소 (WPRE)를 추가로 포함한다.
- [0024] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 적어도 하나의 2부분 핵 국제화 신호를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결된다. 일부 실시양태에서, 2부분 핵 국제화 신호는 하기로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다: KRPAATKKAGQAKKKK (서열식별번호: 344), KKTELQTTNAENKTKKL(서열식별번호: 345), KRGINDRNFWRGNGRKRTR(서열식별번호: 346), 및 RKSGKIAAIVVKRPRK(서열식별번호: 347). 일부 실시양태에서, 2부분 핵 국제화 신호는 서열식별번호: 344에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함한다.
- [0025] 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 촉매적 불활성 Cas9 또는 Cas9 니카제의 N-말단에 융합된 시토신 데아미나제를 포함한다. 일부 실시양태에서, 시토신 데아미나제는 APOBEC1, APOBEC3, AID, 및 pmCDA1로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 우라실 글리코실라제 억제제 (UGI)를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, UGI는 서열식별번호: 299-302의 아미노산 서열을 포함한다.
- [0026] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열 및 제2 뉴클레오티드 서열은 상이한 벡터 상에 있다. 일부 실시양태에서, 상이한 벡터 각각은 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)의 게놈이다. 일부 실시양태에서, 벡터는 rAAV 입자 내에 패키징된다.
- [0027] 본 개시내용의 다른 측면은 (i) 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 핵염기 에디터의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오티드 서열을 포함하는 제1 재조합 아데노 연관 바이러스 (rAAV) 입자; 및 (ii) 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 핵산을 포함하는 제2 재조합 아데노 연관 바이러스 (rAAV) 입자를 포함하는 조성물을 제공한다.
- [0028] 본원에 기재된 임의의 조성물을 포함하는 세포가 제공된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 함께 연합되어 핵염기 에디터를 형성한다. 일부 실시양태에서, 세포는 원핵 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 박테리아 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 진핵 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 효모 세포, 식물 세포, 또는 포유동물 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 인간 세포

이다.

[0029] 본원에 기재된 임의의 조성물을 포함하는 키트가 본원에 추가로 제공된다.

[0030] 본 개시내용의 또 다른 측면은 세포를 본원에 기재된 임의의 조성물과 접촉시키는 것을 포함하며, 여기서 접촉시키는 것은 제1 뉴클레오티드 서열 및 제2 뉴클레오티드 서열의 세포 내로의 전달을 초래하고, 여기서 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 연합되어 핵염기 에디터를 형성하는 것인 방법을 제공한다.

[0031] 본 개시내용의 또 다른 측면은 본원에 기재된 임의의 조성물의 치료 유효량을 그를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 것을 포함하는 방법을 제공한다. 일부 실시양태에서, 대상체는 질환 또는 장애를 갖는다.

[0032] 일부 실시양태에서, 질환 또는 장애는 낭성 섬유증, 페닐케톤뇨, 표피박리 과다각화증 (EHK), 만성 폐쇄성 폐 질환 (COPD), 샤르코-마리-투스병 유형 4J., 신경모세포종 (NB), 폰 빌레브란트병 (vWD), 선천성 근긴장증, 유전성 신장 아밀로이드증, 확장성 심근병증, 유전성 림프부종, 가족성 알츠하이머병, 프리온병, 만성 영아 신경계 피부 관절 증후군 (CINCA), 및 테스민-관련 근병증 (DRM)으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[0033] 본 발명의 특정 실시양태의 세부사항은, 하기 기재된 바와 같이, 특정 실시양태의 상세한 설명에 제시된다. 본 발명의 다른 특색, 목적, 및 이점은 정의, 실시예, 도면, 및 청구범위로부터 명백해질 것이다.

도면의 간단한 설명

[0034] 본 출원의 일부를 구성하는 첨부 도면은 본 발명의 여러 실시양태를 예시하고, 설명과 함께, 본 발명의 원리를 해명하는 역할을 한다.

도 1a-1c는 제조합 아데노 연관 바이러스 (rAAV) 벡터를 사용한 세포 내로의 전달을 위한 "스플릿 핵염기 에디터"를 제시하는 그래프이다. 도 1a는 어떻게 핵염기 에디터가 2개 부분으로 스플릿되는지의 개략적 표현이다. 도 1b는 AAV-전달된 스플릿 핵염기 에디터가 세포 내에서의 2개 절반들의 발현 시 단백질 스플라이싱을 겪어 전체적으로 발현되는 핵염기 에디터와 필적할만한 활성을 갖는 완전 핵염기 에디터를 형성할 수 있다는 것을 제시한다. 도 1c는 DnaE 인테인에 의해 매개된 단백질 스플라이싱을 통한 2개 절반들로부터의 완전 핵염기 에디터의 형성을 제시한다.

도 2는 U1118 세포가 mCherry를 코딩하는 핵산을 함유하는 AAV2에 의해 효율적으로 형질감염되었다는 것을 제시한다. 상이한 바이러스 역가를 테스트하였고 (4.5×10^{11} vg/ml*에서 $2.5-10 \mu\text{l}$), 모두 U118 세포의 효율적 형질감염을 초래하였다. *vg/ml는 마이크로리터당 바이러스 게놈-함유 입자를 의미한다.

도 3a-3b는 U118 및 HEK 세포에서의 rAAV-전달된 스플릿 핵염기 에디터에 의한 핵염기 에디팅의 고처리량 서열 (HTS) 결과를 제시하는 그래프이다. 지질-형질감염된 핵염기 에디터를 대조군으로서 사용하였다. PRNP 유전자 내 R37을 표적화하는 sgRNA를 사용하였고, PRNP 유전자 로커스를 서열분석하였다. 도 3a는 HTS 판독물을 제시하고, 도 3b는 염기 에디팅 결과를 요약한다.

도 4는 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는 AAV 구축물에서 사용된 전사 종결인자의 최적화를 제시하는 그래프이다. 상이한 크기 및 기원의 전사 종결인자를 테스트하였다. bGH 전사 종결인자는 비교적 짧으며, 더 긴 종결인자 서열에 필적하게 전사를 효율적으로 종결시킨다. 따라서 이는 하류 실험에서 사용되도록 선택되었다.

도 5a-5b는 인간 ApoE4 cDNA를 발현하는 마우스 정상세포 내 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는 AAV의 장기간 (최대 15일) 형질도입을 수반하는 핵염기 에디팅의 결과를 제시하는 그래프이다. 표적 염기는 ApoE4 내 아르기닌 112 및 아르기닌 158에 대한 코돈 내에 있으며, 이는 염기 에디팅 시 시스테인으로 전환된다. 도 5a는 마우스 정상세포가 10^{10} vg로 형질도입될 때 아르기닌 158의 에디팅은 경시적으로 증가하는 한편, 아르기닌 112의 에디팅은 최소로 남아있었다는 것을 제시한다. 아르기닌 158 서열에 대한 코돈의 뉴클레오티드 서열 3'은 SpCas9에 의한 높은 활성을 허용하는 플랭킹 NGG PAM (가이드 서열 GAAGCGCCTGGCAGTGTACC, 서열식별번호: 348 수반)을 특색으로 하는 한편, 아르기닌 112에 대한 코돈의 뉴클레오티드 서열 3'은 높은 활성을 허용하지 않는 플랭킹 NAG PAM (가이드 서열 GACGTGCGCGCCGCTGGTG, 서열식별번호: 349 수반)을 함유한다. 도 5b는 10^{10} vg에서 mCherry를 코딩하는 rAAV로 형질도입된 세포 (대조군)를 제시한다.

도 6은 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는 AAV 구축물 내 핵 국제화 신호의 최적화의 개략적 표현이다. 핵 국제화 신호는 에디팅을 위한 전제조건으로서 게놈 DNA와 회합하는 재구성된 핵염기 에디터에 대해 발생해야 하는

핵 유입을 제어하고, 프로세스에서의 잠재적인 속도-제한 단계이다. 이러한 개략도는 NLS (및 NLS 최적화)가 핵 내로 유입될 핵염기 에디터에 중요하다는 것을 제시한다.

도 7은 상이한 핵 국제화 신호 (NLS)를 함유하는 상이한 rAAV 스플릿 핵염기 에디터 구축물을 사용한 염기 에디팅의 결과를 제시하는 그래프이다.

도 8a-8b는 AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터를 사용한 해리된 마우스 피질 뉴런에서의 DNMT1 유전자의 에디팅을 제시하는 그래프이다.

도 9a-9b는 AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터, 또는 지질 형질감염된 DNA 코딩된 핵염기 에디터를 사용한 마우스 뉴로-2a 세포주에서의 DNMT1 유전자의 에디팅을 제시하는 그래프이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

정의

본원에 및 청구범위에 사용된 바와 같은, 단수 형태는 달리 맥락이 명백하게 지시하지 않는 한 단수 및 복수 지시대상을 포함한다. 이에 따라, 예를 들어, "작용제"에 대한 참조는 단일 작용제 및 복수의 이러한 작용제를 포함한다.

본원에 사용된 바와 같은, 용어 "Cas9", "Cas9 단백질", 또는 "Cas9 뉴클레아제"는 Cas9 단백질 (예를 들어, 다양한 박테리아 종으로부터의 Cas9 뉴클레아제), 그의 단편, 변이체 (예를 들어, 촉매적 불활성 Cas9 또는 Cas9 니카제), 또는 융합 단백질 (예를 들어, 또 다른 단백질 도메인에 융합된 Cas9)을 포함하는 RNA-가이드된 뉴클레아제를 지칭한다. Cas9 뉴클레아제는 또한 때때로 casn1 뉴클레아제 또는 CRISPR (클러스터링된 규칙적 간격의 짧은 회문식 반복부)-연관 뉴클레아제로서 지칭된다. CRISPR은 이동성 유전적 요소 (바이러스, 전위가능 요소, 및 접합 플라스미드)에 대한 보호를 제공하는 적응 면역계이다. CRISPR 클러스터는 스페이서, 선행 이동성 요소에 대해 상보적인 서열 및 표적 침입 핵산을 함유한다. CRISPR 클러스터는 CRISPR RNA (crRNA) 내로 전사되고 프로세싱된다. 유형 II CRISPR 시스템에서 프리-crRNA의 올바른 프로세싱은 트랜스-코딩된 소형 RNA (tracrRNA), 내인성 리보뉴클레아제 3 (rnc) 및 Cas9 단백질을 요구한다. tracrRNA는 프리-crRNA의 리보뉴클레아제 3-보조된 프로세싱에 대한 가이드로서 역할을 한다. 후속적으로, Cas9/crRNA/tracrRNA는 스페이서에 대해 상보적인 선행 또는 원형 dsDNA 표적을 엔도뉴클레오절단방식으로 절단한다. 사실상, DNA-결합 및 절단은 전형적으로 단백질 및 RNA 둘 다를 요구한다. 그러나, 단일 가이드 RNA ("sgRNA" 또는 간단히 "gRNA")는 crRNA 및 tracrRNA 둘 다의 측면을 단일 RNA 종 내로 혼입하도록 조작될 수 있다. Cas9 단백질 및 그의 각각의 아미노산 서열의 비제한적 예는 실시예 1에 제공된다.

뉴클레아제-불활성화 Cas9 단백질은 "dCas9" 단백질 (뉴클레아제-"데드" Cas9의 경우에)로서 상호교환가능하게 지칭될 수 있다. 불활성 DNA 절단 도메인을 갖는 Cas9 단백질 (또는 그의 단편)을 생성하기 위한 방법이 알려져 있다 (예를 들어, 참조로 본원에 혼입된 문헌 [Jinek *et al.*, *Science*. 337:816-821(2012); Qi *et al.*, (2013) *Cell*. 28:152(5):1173-83] 참조). 예를 들어, Cas9의 DNA 절단 도메인은 2개의 서브도메인, HNH 뉴클레아제 서브도메인 및 RuvC1 서브도메인을 포함하는 것으로 알려져 있다. HNH 서브도메인은 gRNA에 대해 상보적인 가닥을 절단하는 한편, RuvC1 서브도메인은 비-상보적 가닥을 절단한다. 이들 서브도메인 내에서의 돌연변이는 Cas9의 뉴클레아제 활성을 침묵시킬 수 있다. 예를 들어, 돌연변이 D10A 및 H840A는 에스. 피오게네스 (*S. pyogenes*) Cas9의 뉴클레아제 활성을 완전히 불활성화시킨다 (Jinek *et al.*, *Science*. 337:816-821(2012); Qi *et al.*, *Cell*. 28:152(5):1173-83 (2013)). 추가적인 적합한 뉴클레아제-불활성 dCas9 도메인은 본 개시내용 및 관련 기술분야의 지식을 기반으로 하여 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 명백할 것이며, 본 개시내용의 범주 내에 있다. 이러한 추가적인 예시적인 적합한 뉴클레아제-불활성 Cas9 도메인은 D10A/H840A, D10A/D839A/H840A, 및 D10A/D839A/H840A/N863A 돌연변이체 도메인을 포함하나 이에 제한되지는 않는다 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Prashant *et al.*, *Nature Biotechnology*. 2013; 31(9):833-838] 참조).

일부 실시양태에서, Cas9 니카제는 핵염기 에디터의 파트로서 사용된다. Cas9 니카제는 이중 가닥 DNA의 하나의 가닥을 절단할 수 있다. Cas9 니카제는 불활성화 돌연변이를 HNH 도메인 또는 RuvC1 도메인 내로 도입함으로써 생성될 수 있다. 예를 들어, 불활성화 돌연변이 (D10A)는 에스. 피오게네스 Cas9의 RuvC1 도메인 내에 도입될 수 있는 한편, HNH 도메인은 활성으로 남아있으며, 즉, 위치 840에서의 잔기는 히스티딘으로 남아있다. 이러한 Cas9 변이체는 gRNA-정의된 표적 서열을 기반으로 하여 특이적 위치에서 단일-가닥 DNA 파단 (닉)을 생성할 수 있다. 관련 기술분야의 통상의 기술자는 임의의 알려진 Cas9 단백질의 RuvC1 및 HNH 도메인 내 촉매적

잔기를 확인하고 불활성화 돌연변이를 도입하여 상응하는 dCas9 또는 nCas9를 생성할 수 있다.

[0040] "스플릿 Cas9 단백질" 또는 "스플릿 Cas9"는 2개의 별개의 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 N-말단 부분 (또한 N-말단 절반으로서 지칭됨) 및 C-말단 부분 (또한 C-말단 절반으로서 지칭됨)으로서 제공된 Cas9 단백질을 지칭한다. Cas9 단백질의 N-말단 부분 및 C-말단 부분에 상응하는 폴리펩티드는 조합되어 (연합되어) 완전 Cas9 단백질을 형성할 수 있다. Cas9 단백질은 무질서 링커에 의해 연결된 이중-로브형 구조로 이루어진 것으로 알려져 있다 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Nishimasu *et al.*, *Cell*, Volume 156, Issue 5, pp. 935-949, 2014]에 기재된 바와 같음). 일부 실시양태에서, "스플릿"은 2개의 로브 사이에 발생하며, 이는, 각각이 하나의 로브를 함유하는, Cas9 단백질의 2개 부분을 생성한다.

[0041] "인테인"은 단백질 스플라이싱으로서 알려진 프로세스에서 그 자체를 절제하고 나머지 부분 (엑스테인)을 펩티드 결합으로 연합할 수 있는 단백질의 절편이다. 인테인은 또한 "단백질 인트론"으로서 지칭된다. 인테인 자체를 절제하고 단백질의 나머지 부분을 연합하는 인테인의 프로세스는 본원에서 "단백질 스플라이싱" 또는 "인테인-매개 단백질 스플라이싱"이라 명명된다. 일부 실시양태에서, 전구체 단백질 (인테인-매개 단백질 스플라이싱 전의 인테인 함유 단백질)의 인테인은 2개의 유전자로부터 발생한다. 이러한 인테인은 본원에서 스플릿 인테인으로서 지칭된다. 예를 들어, 시아노박테리아에서, DNA 폴리머라제 III의 촉매 서브유닛 α 인 DnaE는 2개의 별개의 유전자, dnaE-n 및 dnaE-c에 의해 코딩된다. dnaE-n 유전자에 의해 코딩되는 인테인은 본원에서 "인테인-N"으로서 지칭된다. dnaE-c 유전자에 의해 코딩되는 인테인은 본원에서 "인테인-C"로서 지칭된다.

[0042] 다른 인테인 시스템이 또한 사용될 수 있다. 예를 들어, dnaE 인테인, Cfa-N 및 Cfa-C 인테인 쌍을 기반으로 하는 합성 인테인이 기재된 바 있다 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Stevens *et al.*, *J Am Chem Soc.* 2016 Feb 24;138(7):2162-5]). 본 개시내용에 따라 사용될 수 있는 인테인 쌍의 비제한적 예는 하기를 포함한다: Cfa DnaE 인테인, Ssp GyrB 인테인, Ssp DnaX 인테인, Ter DnaE3 인테인, Ter ThyX 인테인, Rma DnaB 인테인 및 Cne Prp8 인테인 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된 미국 특허 8,394,604에 기재된 바와 같음).

[0043] 인테인의 예시적인 뉴클레오타이드 및 아미노산 서열이 제공된다.

DnaE 인테인-N DNA:

TGCCTGTCATACGAAACCGAGATACTGACAGTAGAATATGGCCTTCTGCCAATCGGG
AAGATTGTGGAGAAACGGATAGAATGCACAGTTTACTCTGTCGATAACAATGGTAA
CATTTATACTCAGCCAGTTGCCAGTGGCACGACCGGGGAGAGCAGGAAGTATTCG
AATACTGTCTGGAGGATGGAAGTCTCATTAGGGCCACTAAGGACCACAAATTTATG
ACAGTCGATGGCCAGATGCTGCCTATAGACGAAATCTTTGAGCGAGAGTTGGACCTC
ATGCGAGTTGACAACCTTCCTAAT (SEQ ID NO: 350)

DnaE 인테인-N 단백질:

CLSYETEILTVEYGLLPKIGKIVEKRIECTVYSVDNNGNIYTPVAQWHDRGEQEVFEYCL
EDGSLIRATKDHKFMVTVDGQMLPIDEIFERELDLMRVDNLPN (SEQ ID NO: 351)

DnaE 인테인-C DNA:

ATGATCAAGATAGCTACAAGGAAGTATCTTGCCAAACAAAACGTTTATGATATTGG
AGTCGAAAGAGATCACAACTTTGCTCTGAAGAACGGATTCATAGCTTCTAAT (SEQ
ID NO: 352)

인테인-C:

MIKIATRKYLKGQNVYDIGVERDHNFKNGFIASN (SEQ ID NO: 353)

Cfa-N DNA:

TGCCTGTCTTATGATACCGAGATACTTACCGTTGAATATGGCTTCTTGCCTATTGGAA
AGATTGTGCAAGAGAGAATTGAATGCACAGTATATACTGTAGACAAGAATGGTTTC
GTTTACACACAGCCCATTTGCTCAATGGCACAATCGCGGCGAACAAGAAGTATTTGA
GTACTGTCTCGAGGATGGAAGCATCATACGAGCAACTAAAGATCATAAATTCATGA
CCACTGACGGGCAGATGTTGCCAATAGATGAGATATTCGAGCGGGGCTTGGATCTC
AAACAAGTGGATGGATTGCCA (SEQ ID NO: 354)

Cfa-N 단백질:

CLSYDTEILTVEYGFLLPKIGKIVEERIECTVYTVDKNGFVYTQPIAQWHNRGEQEVFEYCL
EDGSIIRATKDHKFMTTDGQMLPIDEIFERGLDLKQVDGLP (SEQ ID NO: 355)

Cfa-C DNA:

ATGAAGAGGACTGCCGATGGATCAGAGTTTGAATCTCCCAAGAAGAAGAGGAAAGT
AAAGATAATATCTCGAAAAAGTCTTGGTACCCAAATGTCTATGATATTGGAGTGGA
GAAAGATCACAACTTCCTTCTCAAGAACGGTCTCGTAGCCAGCAAC (SEQ ID NO:
356)

Cfa-C 단백질:

MKRTADGSEFESPKKKRKVKIISRKSLGTQNVYDIGVEKDHNFLLKNGLVASN (SEQ ID
NO: 357)

[0044]

[0045]

인테인-N 및 인테인-C는, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분 및 스플릿 Cas9의 C-말단 부분의 연합을 위해, 각각 스플릿 Cas9의 N-말단 부분 및 스플릿 Cas9의 C-말단 부분에 융합될 수 있다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, 인테인-N은 스플릿 Cas9의 N-말단 부분의 C-말단에 융합되어, 즉, N-[스플릿 Cas9의 N-말단 부분]-[인테인-N]-C의 구조를 형성한다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 스플릿 Cas9의 C-말단 부분의 N-말단에 융합되어, 즉, N-[인테인-C]-[스플릿 Cas9의 C-말단 부분]-C의 구조를 형성한다. 인테인이 융합되는 단백질 (예를 들어, 스플릿 Cas9)을 연합하기 위한 인테인-매개 단백질 스플라이싱의 메카니즘은, 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Shah *et al.*, *Chem Sci.* 2014; 5(1):446-461]에 기재된 바와 같이 관련 기술분야에 알려져 있다.

[0046]

본원에서, "핵염기 에디터"는 뉴클레오타이드 염기를 에디팅하는 단백질을 지칭한다. "에디팅"은 하나의 핵염기에서 또 다른 것으로의 (예를 들어, A에서 G로의, A에서 C로의, A에서 T로의, C에서 T로의, C에서 G로의, C에서 A로의, G에서 A로의, G에서 C로의, G에서 T로의, T에서 A로의, T에서 C로의, T에서 G로의) 전환을 지칭한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 1) 뉴클레오타이드-, 뉴클레오시드-, 또는 핵염기-변형 효소 및 2) 특이적 핵산 서열에 결합하도록 프로그램화될 수 있는 핵산 결합 단백질의 조합을 사용하여 폴리핵산 서열 내 핵염기에서 또 다른 핵염기로의 전환 (즉, 전이 또는 변위)을 주로 (예를 들어, 80% 초과, 85% 초과, 90% 초과, 95% 초과, 99% 초과, 99.9% 초과, 또는 100%) 초래하는 거대분자 또는 거대분자 복합체이다.

- [0047] 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 그를 표적 서열로 지시하는 DNA 결합 도메인 (예를 들어, 프로그램가능한 DNA 결합 도메인 예컨대 dCas9 또는 nCas9)을 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 프로그램가능한 DNA 결합 도메인 (예를 들어, dCas9 또는 nCas9)에 융합된 핵염기 변형 효소를 포함한다. "핵염기 변형 효소"는 핵염기를 변형시키고 하나의 핵염기를 또 다른 것으로 전환시킬 수 있는 효소 (예를 들어, 데아미나제 예컨대 시토신 데아미나제 또는 아데노신 데아미나제)이다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 핵산 서열 내 시토신 (C) 염기를 표적화하고 C를 티민 (T) 염기로 전환시킬 수 있다. 일부 실시양태에서, C에서 T로의 에디팅은 데아미나제, 예를 들어, 시토신 데아미나제에 의해 수행된다. 다른 유형의 염기 전환 (예를 들어, 아데노신 (A)에서 구아닌 (G)으로, C에서 G로)을 수행할 수 있는 염기 에디터가 또한 고려된다.
- [0048] C를 T로 전환시키는 핵염기 에디터는, 일부 실시양태에서, 시토신 데아미나제를 포함한다. "시토신 데아미나제"는 화학 반응 "시토신 + H₂O → 우라실 + NH₃" 또는 "5-메틸-시토신 + H₂O → 티민 + NH₃"을 촉매하는 효소를 지칭한다. 반응식으로부터 명백할 수 있는 바와 같이, 이러한 화학 반응은 C에서 U/T로의 핵염기 변화를 초래한다. 유전자의 맥락에서, 이러한 뉴클레오타이드 변화, 또는 돌연변이는 차례로 단백질 내 아미노산 변화로 이어질 수 있으며, 단백질의 기능, 예를 들어, 기능-상실 또는 기능-획득에 영향을 미칠 수 있다. 일부 실시양태에서, C에서 T로의 핵염기 에디터는 시토신 데아미나제에 융합된 dCas9 또는 nCas9를 포함한다. 일부 실시양태에서, 시토신 데아미나제 도메인은 dCas9 또는 nCas9의 N-말단에 융합된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 우라실 글리코실라제를 억제하는 도메인, 및/또는 핵 국제화 신호를 추가로 포함한다. 이러한 핵염기 에디터는 관련 기술분야에, 예를 들어, 미국 특허 9,068,179, 2015년 6월 18일에 공개된 미국 특허 출원 공개 US 2015/0166980; 2015년 6월 18일에 공개된 US 2015/0166981; 2015년 6월 18일에 공개된 US 2015/0166982; 2015년 6월 18일에 공개된 US 2015/0166984; 및 2015년 6월 18일에 공개된 US2015/0165054; 및 미국 가출원, 2015년 10월 23일에 출원된 U.S.S.N. 62/245,828; 2016년 1월 15일에 출원된 U.S.S.N. 62/279,346; 2016년 3월 22일에 출원된 U.S.S.N. 62/311,763; 2016년 4월 13일에 출원된 U.S.S.N. 62/322,178; 2016년 6월 30일에 출원된 U.S.S.N. 62/357,352; 2016년 8월 3일에 출원된 U.S.S.N. 62,370,700; 2016년 9월 22일에 출원된 U.S.S.N. 62/398,490; 및 2016년 10월 14일에 출원된 U.S.S.N. 62/408,686; 2016년 10월 22일에 출원된 PCT 출원 PCT/US2016/058344, 미국 특허 출원, 2016년 10월 22일에 출원된 U.S.S.N. 15/311,852; 및 문헌 [Komor *et al.*, *Nature*, Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage, 533, 420-424 (2016)]에 기재되어 있으며, 이들 각각의 전체 내용은 본원에 참조로 포함된다.
- [0049] 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 A를 G로 전환시킨다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 아데노신 데아미나제를 포함한다. "아데노신 데아미나제"는 퓨린 대사에 수반되는 효소이다. 이는 식품으로부터의 아데노신의 파괴에 및 조직 내 핵산의 전환에 필요하다. 인간에서의 그의 주요 기능은 면역계의 발생 및 유지이다. 아데노신 데아미나제는 DNA의 맥락에서 아데노신의 가수분해성 탈아미노화 (G로서 염기 쌍형성하는 이노신을 형성함)를 촉매한다. DNA에 대해 작용하는 알려진 아데노신 데아미나제는 없다. 대신에, 알려진 아데노신 데아미나제 효소는 단지 RNA (tRNA 또는 mRNA)에 대해 작용한다. DNA 기질을 수용하고 dA를 데옥시아이노신으로 탈아미노화하는 진화된 데옥시아데노신 데아미나제 효소 및 아데노신 핵염기 에디터에서의 그의 용도는, 예를 들어, 미국 가출원, 2016년 8월 3일에 출원된 U.S.S.N. 62/370,684; 미국 가출원, 2017년 2월 3일에 출원된 U.S.S.N. 62/370,684, 미국 가출원, 2017년 3월 20일에 출원된 U.S.S.N. 62/473,714, 및 2017년 8월 3일에 출원된 PCT 출원 PCT/US2017/045381에 기재되어 있으며, 이들 각각은 참조로 본원에 포함된다. DNA를 기질로서 수용하는 진화된 아데노신 데아미나제의 비제한적 예는 실시예 1에 제공된다.
- [0050] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 이. 콜라이(*E. coli*) TadA (서열식별번호: 314)이다. ecTadA에서의 가능한 돌연변이 및 변형된 ecTadA를 포함하는 핵염기 에디터를 발현하는 구축물은 표 2에 제공된다. 예시적인 EcTadA 돌연변이체 및 이러한 돌연변이체를 포함하는 핵염기 에디터의 서열은 실시예 1에 제공된다.

[0051] 표 2. A에서 G로의 핵염기 에디터에 대한 EcTadA 돌연변이체

명칭	구축물 아키텍처	TadA에서의 돌연변이
pNMG-142	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	야생형
pNMG-143	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	D108N
pNMG-144	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	A106V_D108N
pNMG-145	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	D108G
pNMG-146	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	R107C_D108N
pNMG-147	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	D108V
pNMG-155	pCMV_ecTadA_XTEN_데드 Cas9_SGGS_UGI-NLS	D108N
pNMG-156	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_UGI_SGGS-NLS	D108N
pNMG-157	pCMV_ecTadA_XTEN_데드 Cas9_SGGS_UGI_SGGS-NLS	D108G
pNMG-158	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_UGI_SGGS-NLS	D108G
pNMG-160	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_AAG*(E125Q)_SGGS-NLS	D108N
pNMG-161	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_엔도V*(D35A)_NLS	D108N
pNMG-162	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	H8Y_D108N_S127S_D147Y_Q154H
pNMG-163	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	H8Y_R24W_D108N_N127S_D147Y_E155V
pNMG-164	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-165	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	H8Y_D108N_S127S
pNMG-171	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	야생형
pNMG-172	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	D108N
pNMG-173	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	H8Y_D108N_N127S_D147Y_Q154H
pNMG-174	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	H8Y_R24W_D108N_N127S_D147Y_E155V
pNMG-175	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-176	pCMV_Cas9n_XTEN_ecTadA_SGGS-NLS	H8Y_D108N_S127S
pNMG-177	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS-NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-178	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS-NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-179	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_AAG*(E125Q)_SGGS-NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-180	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS-NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-181	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_AAG*(E125Q)_SGGS-NLS	D108N_D147Y_E155V

[0052]

pNMG-182	pCMV_ecTadA_SGGS_nCas9_SGGS_NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-183	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-235	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_XTEN_AAG*(E125A)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-236	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_XTEN_AAG*(E125Q)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-237	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_XTEN_AAG*(wt)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-238	pCMV_AAG*(E125A)_XTEN_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-239	pCMV_AAG*(wt)_XTEN_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-240	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_XTEN_엔도V*(D35A)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-241	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_XTEN_엔도V*(wt)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-242	pCMV_엔도V*(D35A)_XTEN_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-243	pCMV_엔도V*(wt)_XTEN_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-247	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9 (야생형)_SGGS_NLS	야생형
pNMG-248	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9 (야생형)_SGGS_NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-249	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9 (야생형)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-250	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9 (야생형)_SGGS_UGI_SGGS_NLS	D108N_D147Y_E155V
pNMG-251	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9 (야생형)_SGGS_AAG*(E125Q)_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-274	pCMV_ecTadA_SGGS_NLS (Cas9 융합체 없음)	야생형
pNMG-275	pCMV_ecTadA_SGGS_NLS (Cas9 융합체 없음)	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-276	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(야생형) + (야생형)
pNMG-277	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-278	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108Q_D147Y_E155V
pNMG-279	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108M_D147Y_E155V
pNMG-280	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108L_D147Y_E155V
pNMG-281	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108K_D147Y_E155V
pNMG-282	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108I_D147Y_E155V
pNMG-283	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	D108F_D147Y_E155V
pNMG-284	pCMV_ecTadA_터 긴 링커 (92 a.a.)_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(야생형) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)

[0053]

pNMG-285	pCMV_ecTadA_더 긴 링커 (92 a.a.)_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y)
pNMG-285b	pCMV_ecTadA_더 긴 링커 (92 a.a.)_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-286	pCMV_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	A106V_D108M_D147Y_E155V
pNMG-287	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN-nCas9 (야생형, 아우레우스)_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-289	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_UGI_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-290	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-293	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	E59A_A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-294	pCMV_ecTadA_XTEN_Cas9n_SGGS_NLS	E59A
pNMG-295	pCMV_ecTadA_SGGS_NLS (Cas9 융합체 없음)	E59A
pNMG-296	pCMV_ecTadA_SGGS_NLS (Cas9 융합체 없음)	E59A cat 테드_A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-297	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (야생형)
pNMG-298	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(D108M_D147Y_E155V) + (D108M_D147Y_E155V)
pNMG-320	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(야생형) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-321	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(E59A_A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-322	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_XTEN_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (E59A_A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-335	pCMV_TadA3p-XTEN-TadA2p-XTEN-nCas9-NLS	야생형
pNMG-336	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156Y
pNMG-337	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	A106V_D108N_D147Y_E155V
pNMG-338	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-339	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156Y) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156Y)

[0054]

pNMG-340	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-341	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_UGI_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-345	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_SGGS_NLS	야생형
pNMG-346	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_SGGS_NLS	(D108N) + (D108N)
pNMG-347	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_SGGS_NLS	(D107A_D018N) + (D107A_D108N)
pNMG-348	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_SGGS_NLS	(G26P_D107A_D108N) + (G26P_D107A_D108N)
pNMG-349	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_sGGS_NLS	(G26P_D107A_D108N_S142A) + (G26P_D107A_D108N_S142A)
pNMG-350	pCMV_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_에스.아우레우스TadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-nCas9_SGGS_NLS	(D104A_D108N_S142A) + (D107A_D108N_S142A)
pNMG-351	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(R26G_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-352	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(E25G_R26G_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-353	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(E25D_R26G_L84F_A106V_R107K_D108N_H123Y_A142N_A143G_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-354	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(R26Q_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-355	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(E25M_R26G_L84F_A106V_R107P_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-356	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(R26C_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-357	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_A143L_D147Y_E155V_I156F)

[0055]

pNMG-358	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(R26G_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-359	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25A_R26G_L84F_A106V_R107N_D108N_H123Y_A142N_A143E_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-360	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(R26G_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F) + (R26G_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-361	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25G_R26G_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-362	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25D_R26G_L84F_A106V_R107K_D108N_H123Y_A142N_A143G_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-363	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(R26Q_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-364	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25M_R26G_L84F_A106V_R107P_D108N_H123Y_A142N_A143D_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-365	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(R26C_L84F_A106V_R107H_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-366	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_A143L_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-367	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(R26G_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-368	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25A_R26G_L84F_A106V_R107N_D108N_H123Y_A142N_A143E_D147Y_E155V_I156F) X 2
pNMG-369	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156Y) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156Y)
pNMG-370	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(A106V_D108N_D147Y_E155V) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)

[0056]

pNMG-371	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-372	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V
pNMG-373	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	R26G_A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V
pNMG-374	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	E25D_R26G_A106V_R107K_D108N_A142N_A143G_D147Y_E155V
pNMG-375	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	R26G_A106V_D108N_R107H_A142N_A143D_D147Y_E155V
pNMG-376	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	E25D_R26G_A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V
pNMG-377	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_R107K_D108N_A142N_D147Y_E155V
pNMG-378	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_A143G_D147Y_E155V
pNMG-379	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_A143L_D147Y_E155V
pNMG-382	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V X 2
pNMG-383	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	R26G_A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V X 2
pNMG-384	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	E25D_R26G_A106V_R107K_D108N_A142N_A143G_D147Y_E155V X 2
pNMG-385	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	R26G_A106V_D108N_R107H_A142N_A143D_D147Y_E155V X 2
pNMG-386	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	E25D_R26G_A106V_D108N_A142N_D147Y_E155V X 2
pNMG-387	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	A106V_R107K_D108N_A142N_D147Y_E155V X 2
pNMG-388	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_A143G_D147Y_E155V X 2
pNMG-389	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	A106V_D108N_A142N_A143L_D147Y_E155V X 2
pNMG-391	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N
pNMG-392	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	N37T_P48T_M70L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_I49V_E155V_I156F

[0057]

pNMG-393	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	N37S_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K161T
pNMG-394	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_Q154H_E155V_I156F
pNMG-395	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	N72S_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F
pNMG-396	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_P48L_L84F_A106V_D108N_H123Y_E134G_D147Y_E155V_I156F
pNMG-397	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K157N
pNMG-398	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F
pNMG-399	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F_K161T
pNMG-400	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	N37S_R51H_D77G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-401	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K157N
pNMG-402	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N) x 2
pNMG-403	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(N37T_P48T_M70L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_I49V_E155V_I156F) x 2
pNMG-404	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(N37S_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K161T) x 2
pNMG-405	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_Q154H_E155V_I156F) x 2
pNMG-406	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(N72S_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-407	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_P48L_L84F_A106V_D108N_H123Y_E134G_D147Y_E155V_I156F) x 2

[0058]

pNMG-408	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K157N) x 2
pNMG-409	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-410	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F_K161T) x 2
pNMG-411	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(N37S_R51H_D77G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-412	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K157N) x 2
pNMG-440	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	D24G_Q71R_L84F_H96L_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K160E
pNMG-441	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	H36L_G67V_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146T_D147Y_E155V_I156F
pNMG-442	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	Q71L_L84F_A106V_D108N_H123Y_L137M_A143E_D147Y_E155V_I156F
pNMG-443	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	E25G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_Q159L
pNMG-444	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	L84F_A91T_F104I_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-445	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	N72D_L84F_A106V_D108N_H123Y_G125A_D147Y_E155V_I156F
pNMG-446	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	P48S_L84F_S97C_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-447	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	W23G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-448	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS_NLS	D24G_P48L_Q71R_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_Q159L
pNMG-449	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(D24G_Q71R_L84F_H96L_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K160E) x 2

[0059]

pNMG-450	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_G67V_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146T_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-451	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(Q71L_L84F_A106V_D108N_H123Y_L137M_A143E_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-452	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(E25G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_Q159L) x 2
pNMG-453	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(L84F_A91T_F104I_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-454	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(N72D_L84F_A106V_D108N_H123Y_G125A_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-455	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(P48S_L84F_S97C_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-456	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(W23G_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-457	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(D24G_P48L_Q71R_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_Q159L) x 2
pNMG-473	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_UGI_SGGS-NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F
pNMG-474	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F) x 2
pNMG-475	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(야생형) + (A106V_D108N_D147Y_E155V)
pNMG-476	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(야생형) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-477	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(야생형) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-478	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(야생형) + (N37S_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K161T)

[0060]

pNMG-479	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(야생형) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F_K161T)
pNMG-480	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	야생형
pNMG-481	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_NLS	A106V_D108N
pNMG-482	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	야생형 + 야생형
pNMG-483	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(A106V_D108N) x2
pNMG-484	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(야생형) + (A106V_D108N)
pNMG-485	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N
pNMG-486	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	N37S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_K161T
pNMG-487	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_D147Y_E155V_I156F
pNMG-488	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K161T
pNMG-489	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K161T
pNMG-490	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K160E_K161T
pNMG-491	pCMV_ecTadA_(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_Cas9n_SGGS_Ugl_SGGS_NLS	L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K160E
pNMG-492	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-493	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (D24G_Q71R_L84F_H96L_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F_K160E)
pNMG-494	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-495	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (N37S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_K161T)
pNMG-496	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-497	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K161T)
pNMG-498	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K161T)
pNMG-499	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K160E_K161T)
pNMG-500	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N_K160E)

[0061]

pNMG-513	pCMV_ecTadA-92 a.a.-ecTadA-32 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-514	pCMV_ecTadA-92 a.a.-ecTadA-32 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-515	pCMV_ecTadA-92 a.a.-ecTadA-64 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-516	pCMV_ecTadA-92 a.a.-ecTadA-64 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-517	pCMV_ecTadA-32 a.a.-ecTadA-64 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-518	pCMV_ecTadA-32 a.a.-ecTadA-64 a.a._nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-519	pCMV_ecTadA-32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	R74Q
pNMG-520	pCMV_ecTadA-32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	R74Q L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-521	pCMV_ecTadA-32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	R74A_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F
pNMG-522	pCMV_ecTadA-32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	R98Q
pNMG-523	pCMV_ecTadA-32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	R129Q
pNMG-524	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt + R74Q) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-525	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt + R74Q) + (R74Q_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-526	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(R74A_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (R74A_L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-527	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt + R98Q) + (L84F_R98Q_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-528	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt + R129Q) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_R129Q_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-529	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-530	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)

[0062]

		56F)
pNMG-543	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-544	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48T_I49V_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_L157N)
pNMG-545	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	P48S_A142N
pNMG-546	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	P48T_I49V_A142N
pNMG-547	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (P48S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-548	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F) + (P48S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-549	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48S_A142N) + (P48S_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-550	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48S_A142N) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-551	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (P48T_I49V_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_L157N)
pNMG-552	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48T_I49V_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_L157N) + (P48T_I49V_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_L157N)
pNMG-553	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48T_I49V_A142N) + (P48T_I49V_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_D147Y_E155V_I156F_L157N)
pNMG-554	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(P48T_I49V_A142N) + (L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)
pNMG-555	pCMV_ecTadA-24 a.a. 링 커-ecTadA-24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-556	pCMV_ecTadA-24 a.a. 링 커-ecTadA-32 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-557	pCMV_ecTadA-24 a.a. 링 커-ecTadA-40 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-558	pCMV_ecTadA-32 a.a. 링 커-ecTadA-24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-559	pCMV_ecTadA-32 a.a. 링 커-ecTadA-40 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-560	pCMV_ecTadA-40 a.a. 링 커-ecTadA-24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)

[0063]

pNMG-561	pCMV_ecTadA- 40 a.a. 링 커-ecTadA- 32 a.a. 링 커_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146 C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-562	pCMV_ecTadA- 40 a.a. 링 커-ecTadA- 40 a.a. 링 커_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146 C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-563	pCMV_ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS-NLS	야생형
pNMG-564	pCMV_ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146 C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-565	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2_nCas9_XTEN_MBD4_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146 C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-566	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2_nCas9_XTEN_TDG_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146 C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-572	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-573	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_A142N_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-574	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48T_I49V_R51L_L84F_A106V_D108N_ H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-575	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48T_I49V_R51L_L84F_A106V_D108N_ H123Y_A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F _K157N)
pNMG-576	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-577	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_A142N_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-578	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_P48T_I49V_R51L_L84F_A106V_D108N_ H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-579	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_P48T_I49V_R51L_L84F_A106V_D108N_ H123Y_A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F _K157N)
pNMG-580	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N) + (H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-581	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-583	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS-NLS	(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-586	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA- (SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS-NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y _S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)

[0064]

pNMG-588	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_A142N_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-603	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-604	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-605	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F_K161T)
pNMG-606	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152H_E155V_I156F_K157N)
pNMG-607	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-608	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-609	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-610	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-611	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-612	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-613	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) +(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146R_D147Y_E155V_I156F_K161T)
pNMG-614	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152H_E155V_I156F_K157N)
pNMG-615	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-616	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-617	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)
pNMG-618	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-619	pCMV_ecTadA- 32 a.a.-_nCas9_SGGS_NLS	(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-620	pCMV_ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-ecTadA-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)

[0065]

		_K157N)
pNMG-621	pCMV_ecTadA- 32 a.a. 링 커-ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-622	pCMV_ecTadA- 32 a.a. 링 커-ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-623	pCMV_ecTadA- 32 a.a. 링 커-ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)
pNMG-624	pCMV_ecTadA- 32 a.a. 링 커-ecTadA- 24 a.a. 링 커_nCas9_SGGS_NLS	(wt) + (W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I156F_K157N)

[0066]

- [0067] 일부 실시양태에서, A에서 G로의 핵염기 에디터는 아데노신 데아미나제에 융합된 dCas9 또는 nCas9를 포함한다. 이러한 핵염기 에디터는 미국 가출원, 2016년 8월 3일에 출원된 U.S.S.N. 62/370,684; 미국 가출원, 2017년 2월 3일에 출원된 U.S.S.N. 62/370,684, 미국 가출원, 2017년 3월 20일에 출원된 U.S.S.N. 62/473,714, 및 2017년 8월 3일에 출원된 PCT 출원 PCT/US2017/045381에 기재되어 있으며; 이들 각각은 참조로 본원에 포함된다.
- [0068] 일부 실시양태에서, A에서 G로의 핵염기 에디터는 NH₂-[제2 아데노신 데아미나제]-[제1 아데노신 데아미나제]-[dCas9]-COOH의 구조를 포함한다. 일부 실시양태에서, 제2 아데노신 데아미나제는 야생형 ecTadA (서열식별번호: 314)이다. 일부 실시양태에서, 링커는 각각 도메인 사이에 사용된다. 일부 실시양태에서, 링커는 32개 아미노산 길이이고 SGSSGGSSGSETPGTSESATPSSGGSSGG (서열식별번호: 384)의 아미노산 서열을 포함한다.
- [0069] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23X, H36X, N37X, P48X, I49X, R51X, N72X, L84X, S97X, A106X, D108X, H123X, G125X, A142X, S146X, D147X, R152X, E155X, I156X, K157X, 및/또는 K161X 돌연변이 중 하나 이상, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 하나 이상의 상응하는 돌연변이들을 포함하며, 여기서 X의 존재는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산을 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23L, W23R, H36L, P48S, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, 및/또는 K157N 돌연변이 중 하나 이상, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 하나 이상의 상응하는 돌연변이들을 포함한다.
- [0070] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36X, P48X, R51X, L84X, A106X, D108X, H123X, S146X, D147X, E155X, I156X, 및 K157X로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 또는 12개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어지며, 여기서 X는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산의 존재를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36L, P48S, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N으로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 또는 12개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36L, P48S, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다.
- [0071] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36X, P48X, R51X, L84X, A106X, D108X, H123X, A142X, S146X, D147X, E155X, I156X, 및 K157X로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 또는 13개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어지며, 여기서 X는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산의 존재를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36L, P48S, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N으로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 또는 13개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 H36L, P48S, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다.
- [0072] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23X, H36X, P48X, R51X, L84X, A106X, D108X, H123X, A142X, S146X, D147X, E155X, I156X, 및 K157X로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 14개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어지며, 여기서 X는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산의 존재를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23L, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N으로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 14개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23L, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, E155V, I156F, 및 K157N 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다.
- [0073] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23X, H36X, P48X, R51X, L84X, A106X,

D108X, H123X, A142X, S146X, D147X, R152X, E155X, I156X, 및 K157X로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어지며, 여기서 X는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산의 존재를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23L, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, 및 K157N으로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23L, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, 및 K157N 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다.

[0074] 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23X, H36X, P48X, R51X, L84X, A106X, D108X, H123X, S146X, D147X, R152X, E155X, I156X, 및 K157X로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 14개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어지며, 여기서 X는 야생형 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 아미노산 이외의 임의의 아미노산의 존재를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23R, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, 및 K157N으로부터 선택된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 14개 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이 또는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다. 일부 실시양태에서, 아데노신 데아미나제는 서열식별번호: 314에서의 W23R, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, 및 K157N 돌연변이, 또는 또 다른 아데노신 데아미나제에서의 상응하는 돌연변이들을 포함하거나 또는 그로 이루어진다.

[0075] 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 C를 G로 전환시킨다. 이러한 핵염기 에디터는 본원에 참조로 포함된, 미국 가출원, 2017년 3월 10일에 출원된 U.S.S.N. 62/470, 175, 미국 가출원, 2017년 3월 10일에 출원된 U.S.S.N. 62/470, 175에 기재되어 있다.

[0076] 비제한적, 예시적인 유형의 핵염기 에디터 (C에서 T로의, A에서 G로의, 및 C에서 G로의 핵염기 에디터 포함) 및 그의 각각의 서열은 실시예 1에 제공된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 본원에 기재된 핵염기 에디터의 변이체이다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 본원에 기재된 핵염기 에디터에 대해 적어도 50%, 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일하다 (예시적인 서열은 실시예 1에 제공됨). 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터는 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 500개 이하의 아미노산, 450개 이하의 아미노산, 400개 이하의 아미노산, 350개 이하의 아미노산, 300개 이하의 아미노산, 250개 이하의 아미노산, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0077] "데아미나제"는 분자로부터의 아민 기의 제거, 또는, 예를 들어, 가수분해를 통한 탈아미노화를 촉매하는 효소를 지칭한다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 시티딘 데아미나제이며, 이는 각각 시티딘 (C)에서 우리딘 (U)으로의, 데옥시시티딘 (dC)에서 데옥시우리딘 (dU)으로의, 또는 5-메틸-시티딘에서 티미딘 (T, 5-메틸-U)으로의 탈아미노화를 촉매한다. 후속 DNA 복구 메카니즘은, 문헌 [Komor *et al.*, *Nature*, Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage, 533, 420-424 (2016)] (본원에 참조로 포함됨)에 기재된 바와 같이, dU가 T에 의해 대체되는 것을 보장한다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 시토신 데아미나제이며, 이는 시토신에서 우라실로의 (예를 들어, RNA 내) 또는 티민으로의 (예를 들어, DNA 내) 전환을 촉매하고 촉진한다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 A를 G로 전환시키는 아데노신 데아미나제이다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 인간, 침팬지, 고릴라, 원숭이, 소, 개, 래트, 또는 마우스와 같은 유기체로부터의 천연 발생 데아미나제이다. 일부 실시양태에서, 데아미나제는 유기체로부터의 천연 발생 데아미나제의 변이체이며, 상기 변이체는 천연에서 발생하지 않는다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, 데아미나제 또는 데아미나제 도메인은 유기체로부터의 천연 발생 데아미나제에 대해 적어도 50%, 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%,

적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일하다. 일부 실시양태에서, 테아미나제는 본원에 제공된 임의의 테아미나제보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 테아미나제는 본원에 제공된 임의의 테아미나제보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 100개 이하의 아미노산, 90개 이하의 아미노산, 80개 이하의 아미노산, 70개 이하의 아미노산, 60개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 40개 이하의 아미노산, 30개 이하의 아미노산, 20개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0078] "스플릿 핵염기 에디터"는 2개의 별개의 핵산에 의해 코딩되는 N-말단 부분 (또한 N-말단 절반으로서 지칭됨) 및 C-말단 부분 (또한 C-말단 절반으로서 지칭됨)으로서 제공된 핵염기 에디터를 지칭한다. 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 C-말단 부분에 상응하는 폴리펩티드는 조합되어 완전 핵염기 에디터를 형성할 수 있다. 일부 실시양태에서, dCas9 또는 nCas9를 포함하는 핵염기 에디터의 경우에, "스플릿"은 스플릿 Cas9에서 본원에 기재된 바와 같은 위치에서, dCas9 또는 nCas9 도메인 내에 위치한다. 따라서, 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 스플릿 Cas9의 N-말단 부분을 함유하고, 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 스플릿 Cas9의 C-말단 부분을 함유한다. 유사하게, 인테인-N 또는 인테인-C는, 완전 핵염기 에디터를 형성하기 위한 핵염기 에디터의 N- 및 C-말단 부분의 연합을 위해, 각각 핵염기 에디터의 N-말단 부분 또는 C-말단 부분에 융합될 수 있다.

[0079] 2개의 단백질 또는 단백질 도메인은 2개의 단백질 또는 2개의 단백질 도메인을 연결하는 펩티드 결합이 형성될 때 "융합되는" 것으로 간주된다. 일부 실시양태에서, 링커 (예를 들어, 펩티드 링커)는 2개의 단백질 또는 2개의 단백질 도메인 사이에 존재한다. 본원에 사용된 바와 같은, 용어 "링커"는 2개의 분자 또는 모이어티, 예를 들어, 융합 단백질의 2개의 도메인, 예컨대, 예를 들어, 뉴클레아제-불활성 Cas9 도메인 및 핵산 에디팅 도메인 (예를 들어, 테아미나제 도메인)을 연결하는 화학적 기 또는 분자를 지칭한다. 전형적으로, 링커는 2개의 기, 분자, 또는 다른 모이어티 사이에 위치하거나, 또는 그에 의해 플랭킹되고, 공유 결합을 통해 서로 연결되어, 이에 따라 2개를 연결한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 또는 복수개의 아미노산 (예를 들어, 펩티드 또는 단백질)이다. 일부 실시양태에서, 링커는 유기 분자, 기, 중합체, 또는 화학적 모이어티이다. 일부 실시양태에서, 링커는 5-100개 아미노산 길이, 예를 들어 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 30-35, 35-40, 40-45, 45-50, 50-60, 60-70, 70-80, 80-90, 90-100, 100-150, 또는 150-200개 아미노산 길이이다. 더 길거나 또는 더 짧은 링커가 또한 고려된다.

[0080] "우라실 글리코실라제 억제제 (UGI)"는 우라실-DNA 글리코실라제의 활성을 억제하는 단백질을 지칭한다. 본 개시내용에 따라 사용하기에 적합한 UGI 단백질은, 예를 들어, 문헌 [Wang *et al.*, *J. Biol. Chem.* 264:1163-1171(1989); Lundquist *et al.*, *J. Biol. Chem.* 272:21408-21419(1997); Ravishankar *et al.*, *Nucleic Acids Res.* 26:4880-4887(1998); 및 Putnam *et al.*, *J. Mol. Biol.* 287:331-346(1999)]에 공개된 것들을 포함하며, 이들 각각은 본원에 참조로 포함된다. 본 개시내용의 UGI로서 사용될 수 있는 비제한적, 예시적인 단백질 및 그 각각의 서열은 실시예 1에 제공된다. 일부 실시양태에서, UGI는 유기체로부터의 천연 발생 테아미나제의 변이체이며, 상기 변이체는 천연에서 발생하지 않는다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, UGI는 유기체로부터의 천연 발생 UGI 또는 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 임의의 UGI에 대해 적어도 50%, 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일하다. 일부 실시양태에서, UGI는 본원에 제공된 임의의 UGI보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, UGI는 본원에 제공된 임의의 UGI보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 20개 이하의 아미노산, 15개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0081] gRNA는 CRISPR/Cas 시스템의 구성성분이다. 본원에서 "gRNA" (가이드 리보핵산)는 CRISPR-표적화 RNA (crRNA) 및 트랜스-활성화 crRNA (tracrRNA)의 융합체를 지칭하며, 이는 Cas9 뉴클레아제에 대한 표적화 특이성 및 스캐폴딩/결합 능력 둘 다를 제공한다. "crRNA"는 표적 특이성을 부여하고 Cas9에 결합하는 tracrRNA를 요구하는 박테리아 RNA이다. "tracrRNA"는 crRNA를 Cas9 뉴클레아제에 연결하고 전형적으로 임의의 crRNA에 결합할 수 있는 박테리아 RNA이다. Cas DNA-결합 단백질의 서열 특이성은 표적 DNA 서열에 대해 뉴클레오티드 염기-쌍형성 상보성을 갖는 gRNA에 의해 결정된다. 천연 gRNA는 20개 뉴클레오티드 (nt) 특이성 결정 서열 (SDS)을 포함

하며, 이는 표적화될 DNA 서열을 구체화하고, gRNA를 Cas9와 회합시키는 80개 nt 스캐폴드 서열이 바로 이어진다. 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 SDS는 15 내지 100개 뉴클레오티드, 또는 그 초과를 갖는다. 예를 들어, SDS는 15 내지 90개, 15 내지 85개, 15 내지 80개, 15 내지 75개, 15 내지 70개, 15 내지 65개, 15 내지 60개, 15 내지 55개, 15 내지 50개, 15 내지 45개, 15 내지 40개, 15 내지 35개, 15 내지 30개, 또는 15 내지 20개 뉴클레오티드의 길이를 가질 수 있다. 일부 실시양태에서, SDS는 20개 뉴클레오티드 길이이다. 예를 들어, SDS는 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 또는 25개 뉴클레오티드 길이일 수 있다. 표적 DNA 서열의 적어도 일부분은 gRNA의 SDS에 대해 상보적이다. DNA 표적 서열에 성공적으로 결합하는 Cas9의 경우에, 표적 서열의 영역은 gRNA 서열의 SDS에 대해 상보적이고, 올바른 프로토스페이서 인접 모티프 (PAM) 서열 (예를 들어, Cas9의 경우에 NGG 및 Cpf1의 경우에 TTN, TTTN, 또는 YTN)이 바로 이어진다. 일부 실시양태에서, SDS는 그의 표적 서열에 대해 100% 상보적이다. 일부 실시양태에서, SDS 서열은 그의 표적 서열에 대해 100% 미만 상보적이며, 이에 따라, 그의 표적 서열에 대해 부분적으로 상보적인 것으로 간주된다. 예를 들어, 표적화 서열은 그의 표적 서열에 대해 99%, 98%, 97%, 96%, 95%, 94%, 93%, 92%, 91%, 또는 90% 상보적일 수 있다. 일부 실시양태에서, 주형 DNA 또는 표적 DNA의 SDS는 gRNA의 상보적 영역과 1, 2, 3, 4 또는 5개 뉴클레오티드만큼 상이할 수 있다.

[0082] SDS 이외에도, gRNA는 그의 Cas9와의 회합에 요구되는 스캐폴드 서열 (천연 CRISPR/Cas 시스템 내 tracrRNA에 상응함) ("gRNA 핸들"로서 본원에 지칭됨)을 포함한다. 일부 실시양태에서, gRNA는 구조 5'-[SDS]-[gRNA 핸들]-3'을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스캐폴드 서열은 5'-guuuuagagcuagaaauagcaaguuaaaauaaaggcuaguccguuaucaacuugaaaaaguggcaccgagucgugcuuuuu-3' (서열식별번호: 358)의 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 본 개시내용에 따라 사용될 수 있는 다른 비제한적, 적합한 gRNA 핸들 서열은 표 1에 열거된다.

[0083]

표 1. 가이드 RNA 핸들 서열

유기체	gRNA 핸들 서열	SEQ ID NO
에스. 피오게네스	GUUUAAAGAGCUAUGCUGGAAAGCCACGGUGAAA AAGUUCAACUAUUGCCUGAUCGGAAUAAAUUUG AACGAUACGACAGUCGGUGCUUUUUUU	359
에스. 피오게네스	GUUUAAAGAGCUAGAAAUAGCAAGUUUAAAUA GGCUAGUCCGUUAUCAACUUGAAAAAGUGGCAC CGAGUCGGUGCUUUUUUU	360
에스. 썬모필루스 CRISPR1	GUUUUUGUACUCUCAAGAUUCAUAAUCUUGCA GAAGCUACAAAGAUAAAGGCUUCAUGCCGAAAUC AACACCCUGUCAUUUUUUAUGGCAGGGUGUUUU	361
에스. 썬모필루스 CRISPR3	GUUUUAGAGCUGUGUUGUUUGUUAAAACAACA CAGCGAGUUAAAAUAAGGCUUAGUCCGUACUCA ACUUGAAAAGGUGGCACCGAUUCGGUGUUUUUU	362
썬. 제주니	AAGAAAUUUAAAAAGGGACUAAAAUAAAGAGU UUGCGGGACUCUGCGGGGUUACAAUCCCCUAAA ACCGCUUUU	363
에프. 노비시다	AUCUAAAAUUAAAAUGUACCAAUAAUUAU GCUCUGUAAUCAUUUAAAAGUAUUUUGAACGG ACCUCUGUUUGACACGUCUGAAUAACUAAAA	364
에스. 썬모필루스2	UGUAAAGGACGCCUACACAGUUACUAAAUCU UGCAGAAGCUACAAAGAUAAAGGCUUCAUGCCGA AAUCAACACCCUGUCAUUUUUUAUGGCAGGGUGUU UUCGUUAUUU	365
엠. 모빌레	UGUAUUUCGAAAUACAGAUGUACAGUUAAGAA UACAUAAGAAUGAUACAUCACUAAAAAAAGGCU UUUAGCCGUAACUACUACUUAUUUCAAUAUA GUAGUUUUUUUU	366
엘. 이노쿠아	AUUGUUAGUAUUCAAAAUAACAUAGCAAGUUA AAUAAGGCUUUGUCCGUUAUCAACUUUUAAU AAGUAGCGCUGUUUCGGCGCUUUUUUU	367
에스. 피오게네스	GUUGGAACCAUUCAAAACAGCAUAGCAAGUUA AAUAAGGCUAGUCCGUUAUCAACUUGAAAAAGU GGCACCGAGUCGGUGCUUUUUUU	368
에스. 류탄스	GUUGGAAUCAUUCGAAACAACACAGCAAGUUA AAUAAGGCAGUGAUUUUUAAUCCAGUCCGUACA CAACUUGAAAAAGUGCGCACCGAUUCGGUGCUU UUUUUUUU	369
에스. 썬모필루스	UUGUGGUUUGAAACCAUUCGAAACAACACAGCG AGUUAAAAUAAGGCUUAGUCCGUACUCAACUUG AAAAGGUGGCACCGAUUCGGUGUUUUUUUU	370

[0084]

엘. 메닌기티디스	ACAUUUUGUCGCACUGCGAAAUGAGAACCGUUG CUACAAUAAGGCCGUCUGAAAAGAUGUGCCGCA ACGCUCUGCCCCUUAAGCUUCUGCUUUUAGGG GCA	371
피. 물토시다	GCAUUAUUGUUGCACUGCGAAAUGAGAGACGUUG CUACAAUAAGGCUUCUGAAAAGAAUGACCGUAA CGCUCUGCCCCUUGUGAUUCUUAUUGCAAGGG GCAUCGUUUUU	372

[0085]

[0086]

일부 실시양태에서, 가이드 RNA는 약 15-120개 뉴클레오타이드 길이이고, 표적 서열에 대해 상보적인 적어도 10개의 근접 뉴클레오타이드의 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 가이드 RNA는 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 97,

98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 또는 120개 뉴클레오티드 길이이다. 일부 실시양태에서, 가이드 RNA는 표적 서열에 대해 상보적인 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20개 또는 그 초과와 근접 뉴클레오티드의 서열을 포함한다. 서열 상보성은 아데닌 및 티민 (DNA) 또는 우라실 (RNA) 사이의, 및 구아닌 및 시토신 사이의 뚜렷한 상호작용을 지칭한다.

[0087] "프로토스페이서 인접 모티프" (PAM)는 전형적으로 표적 서열에 인접하여 위치하는 (예를 들어, 표적 서열의 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 3, 또는 1개 뉴클레오티드(들) 이내의) 뉴클레오티드의 서열이다. PAM 서열은 PAM 서열이 표적 서열과 근접한 경우에 (즉, PAM 서열 및 표적 서열 사이에 위치하는 뉴클레오티드가 없는 경우에) 표적 서열에 "바로 인접한다". 일부 실시양태에서, PAM 서열은 야생형 PAM 서열이다. PAM 서열의 예는, 비제한적으로, NGG, NGR, NNGRR(T/N), NNNNGATT, NNAGAAW, NGGAG, NAAAAC, AWG, 및 CC를 포함한다. 일부 실시양태에서, PAM 서열은 스트렙토코쿠스 피오게네스(*Streptococcus pyogenes*)로부터 취득된다 (예를 들어, NGG 또는 NGR). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 스태필로코쿠스 아우레우스(*Staphylococcus aureus*)로부터 취득된다 (예를 들어, NNGRR(T/N)). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 네이세리아 메닝기티디스(*Neisseria meningitidis*)로부터 취득된다 (예를 들어, NNNNGATT). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 스트렙토코쿠스 서모필루스(*Streptococcus thermophilus*)로부터 취득된다 (예를 들어, NNAGAAW 또는 NGGAG). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 트레포네마 덴티콜라(*Treponema denticola*)로부터 취득된다 (예를 들어, NAAAAC). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 에스케리키아 콜라이(*Escherichia coli*)로부터 취득된다 (예를 들어, AWG). 일부 실시양태에서, PAM 서열은 슈도모나스 아에루기노사(*Pseudomonas aeruginosa*)로부터 취득된다 (예를 들어, CC). 다른 PAM 서열이 고려된다. PAM 서열은 전형적으로 표적 서열로부터 하류 (즉, 3')에 위치하지만, 일부 실시양태에서 PAM 서열은 표적 서열로부터 상류 (즉, 5')에 위치할 수 있다.

[0088] "핵 국제화 신호" 또는 "NLS"는 핵 수송에 의한 세포 핵 내로의 유입을 위한 단백질을 "태그"하는 아미노산 서열을 지칭한다. 전형적으로, 이 신호는 단백질 표면 상에 노출된 양으로 하전된 리신 또는 아르기닌의 하나 이상의 짧은 서열로 이루어진다. 하나 이상의 NLS는 단백질의 N- 또는 C-말단에, 또는 내부로 (예를 들어, 2개의 단백질 도메인 사이에) 첨가될 수 있다. 예를 들어, 하나 이상의 NLS는 핵염기 에디터의 N- 또는 C-말단에, 또는 핵염기 에디터 내의 Cas9 및 데아미나제 사이에 첨가될 수 있다. 일부 실시양태에서, 1, 2, 3, 4, 5개, 또는 그 초과와 NLS가 첨가될 수 있다. 핵 국제화 서열은 관련 기술분야에 알려져 있고 통상의 기술자에게 명백할 것이다. 예를 들어, NLS 서열은 2000년 11월 23일에 출원된 PCT/EP2000/011690 (Plank et al.)에 기재되어 있으며, 그의 내용은 예시적인 핵 국제화 서열의 그의 개시내용에 대해 본원에 참조로 포함된다. 일부 실시양태에서, NLS는 아미노산 서열 PKKKRKV (서열식별번호: 373) 또는 MDSLMLNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLC (서열식별번호: 374)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 Cas9 및 데아미나제 사이에 삽입된다.

[0089] NLS는 1부분 또는 2부분으로서 분류될 수 있다. 1부분 NLS의 비제한적 예는 SV40 대형 T-항원 내 서열 PKKKRKV (서열식별번호: 373)이다. 2부분 NLS는 전형적으로, 약 10개 아미노산의 스페이스에 의해 분리된, 염기성 아미노산의 2개의 클러스터를 함유한다. 2부분 NLS의 하나의 비제한적 예는 뉴클레오플라스민의 NLS, KRPAATKKAGQAKKKK (스페이스는 밑줄표시됨) (서열식별번호: 344)이다. 일부 실시양태에서, 본 개시내용에 따라 사용되는 NLS는 KRPAATKKAGQAKKKK (서열식별번호: 344)의 아미노산 서열을 포함하는 뉴클레오플라스민의 NLS이다. 본 개시내용에 따라 사용될 수 있는 다른 2부분 NLS는, 비제한적으로, SV40 2부분 NLS (KRTADGSEFESPKKKRKV (서열식별번호: 375), 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Hodel et al., J Biol Chem. 2001 Jan 12;276(2):1317-25]에 기재된 바와 같음); 카나답틴 2부분 NLS (KKTELQTTNAENKTKKL (서열식별번호: 345), 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Hubner et al., Biochem J. 2002 Jan 15;361(Pt 2):287-96]에 기재된 바와 같음); 인플루엔자 A 핵단백질 2부분 NLS (KRGINDRNFWRGNGRKTR (서열식별번호: 346), 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Ketha et al., BMC Cell Biology. 2008;9:22]에 기재된 바와 같음); 및 ZO-2 2부분 NLS (RKSGKIAAIVVKRPK (서열식별번호: 347), 예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Quiros et al., Nusrat A, ed. Molecular Biology of the Cell. 2013;24(16):2528-2543]에 기재된 바와 같음)를 포함한다.

[0090] NLS를 코딩하는 뉴클레오티드 서열은 2개의 코딩 서열이 "서로와 인-프레임"이고 2개의 서열을 융합하는 단일 폴리펩티드로서 번역될 때 NLS가 융합되는 단백질 (예를 들어, Cas9 또는 핵염기 에디터)을 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 "작동가능하게 연결된다".

[0091] 본 개시내용의 핵산은 하나 이상의 유전적 요소를 포함할 수 있다. "유전적 요소"는 핵산 발현에서 역할을 갖는 특정한 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 프로모터, 인핸서, 종결인자) 또는 조작된 핵산의 개별 산물을 코딩하는 특정한 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 가이드 RNA, 단백질 및/또는 RNA 간섭 분자를 코딩하는 뉴클레오티

드 서열)을 지칭한다.

- [0092] "프로모터"는 나머지 핵산 서열 전사의 개시 및 속도가 제어되는 핵산 서열의 제어 영역을 지칭한다. 프로모터는 또한 조절 단백질 및 분자, 예컨대 RNA 폴리머라제 및 다른 전사 인자가 결합할 수 있는 하위-영역을 함유할 수 있다. 프로모터는 구성적, 유도성, 활성화가능한, 저해성, 조직-특이적 프로모터, 또는 그의 임의의 조합일 수 있다. 프로모터는 발현을 구동하거나, 또는 그것이 조절하는 핵산 서열의 전사를 구동한다. 본원에서, 프로모터는 해당 서열의 전사 개시 및/또는 발현을 제어하기 ("구동하기") 위해 그것이 조절하는 핵산 서열과 관련하여 올바른 기능적 위치 및 배향에 있는 경우에 "작동가능하게 연결된" 것으로 간주된다.
- [0093] 프로모터는, 주어진 유전자 또는 서열의 코딩 절편의 상류에 위치하는 5' 비-코딩 서열을 단리함으로써 수득될 수 있는 바와 같이, 유전자 또는 서열과 천연적으로 회합된 것일 수 있다. 이러한 프로모터는 "내인성 프로모터"로서 지칭될 수 있다. 일부 실시양태에서, 코딩 핵산 서열은 그의 천연 환경에서 코딩되는 서열과 정상적으로 회합되지 않는 프로모터를 지칭하는 재조합 또는 이중 프로모터의 제어 하에 위치할 수 있다. 이러한 프로모터는 다른 유전자의 프로모터; 임의의 다른 세포로부터 단리된 프로모터; 및 "천연 발생"이 아닌 합성 프로모터 또는 인핸서, 예컨대, 예를 들어, 상이한 전사 조절 영역의 상이한 요소 및/또는 관련 기술분야에 알려진 유전적 조작의 방법을 통해 발현을 변경시키는 돌연변이를 함유하는 것들을 포함할 수 있다. 프로모터 및 인핸서의 핵산 서열을 합성적으로 생성하는 것 이외에도, 서열은 재조합 클로닝 및/또는 핵산 증폭 기술, 예컨대 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR)을 사용하여 생성될 수 있다.
- [0094] 일부 실시양태에서, 본 개시내용에 따라 사용되는 프로모터는 유도인자 신호의 존재 하에, 그에 의해 영향받거나 또는 그에 의해 접촉될 때 전사 활성을 조절하는 (예를 들어, 개시하거나 또는 활성화시키는) 것을 특징으로 하는 프로모터인 "유도성 프로모터"이다. 유도인자 신호는 유도성 프로모터로부터의 전사 활성을 조절하는데 활성이도록 하는 그러한 방식으로 유도성 프로모터와 접촉하는 내인성 또는 정상적으로 외인성 조건 (예를 들어, 광), 화합물 (예를 들어, 화학적 또는 비-화학적 화합물) 또는 단백질일 수 있다. 이에 따라, 핵산의 "전사를 조절하는 신호"는 유도성 프로모터에 대해 작용하는 유도인자 신호를 지칭한다. 전사를 조절하는 신호는 사용되는 조절 시스템에 따라 전사를 활성화 또는 불활성화시킬 수 있다. 전사의 활성화는 전사를 유도하기 위해 프로모터에 대해 직접적으로 작용하거나 또는 프로모터가 전사를 유도하는 것을 방지하는 저해인자의 불활성화에 의해 프로모터에 대해 간접적으로 작용하는 것을 수반할 수 있다. 반대로, 전사의 탈활성화는 전사를 방지하기 위해 프로모터에 대해 직접적으로 작용하거나 또는 저해인자를 활성화시키며 이어서 프로모터에 대해 작용함으로써 프로모터에 대해 간접적으로 작용하는 것을 수반할 수 있다.
- [0095] "전사 종결인자"는 전사가 정지되도록 야기하는 핵산 서열이다. 전사 종결인자는 단방향성 또는 이방향성일 수 있다. 이는 RNA 폴리머라제에 의한 RNA 전사체의 특이적 종결에 수반되는 DNA 서열로 구성된다. 전사 종결인자 서열은 상류 프로모터에 의한 하류 핵산 서열의 전사 활성화를 방지한다. 전사 종결인자는 바람직한 발현 수준을 달성하거나 또는 특정 서열의 전사를 피하기 위해 생체내 필요할 수 있다. 전사 종결인자는 그것이 연결되어 있는 서열의 전사를 종결시킬 수 있는 경우에 뉴클레오티드 서열에 "작동가능하게 연결된" 것으로 간주된다.
- [0096] 가장 통상적으로 사용되는 유형의 종결인자는 정방향 종결인자이다. 통상적으로 전사되어 있는 핵산 서열의 하류에 배치될 때, 정방향 전사 종결인자는 전사가 중단되도록 야기할 것이다. 일부 실시양태에서, 이방향성 전사 종결인자가 제공되며, 이는 통상적으로 정방향 및 역방향 가닥 둘 다에서 전사가 종결되도록 야기한다. 일부 실시양태에서, 역방향 전사 종결인자가 제공되며, 이는 통상적으로 단지 역방향 가닥에서만 전사를 종결시킨다.
- [0097] 원핵생물 시스템에서, 종결인자는 통상적으로 (1) rho-독립적 종결인자 및 (2) rho-의존적 종결인자의 2개의 카테고리에 속한다. rho-독립적 종결인자는 일반적으로 G-C 염기 쌍에서의 풍부한 줄기 루프 이어서 여러 T 염기를 형성하는 회문식 서열로 구성된다. 이론에 얽매는 것을 원하지는 않지만, 전사 종결의 통상적인 모델은 줄기 루프가 RNA 폴리머라제가 중지되도록 야기하고, 폴리-A 꼬리의 전사는 RNA:DNA 듀플렉스가 RNA 폴리머라제로부터 풀림 및 해리되도록 야기하는 것이다.
- [0098] 진핵 시스템에서, 종결인자 영역은 새로운 전사체의 부위-특이적 절단을 허용하여 폴리아데닐화 부위를 노출시키는 특이적 DNA 서열을 포함할 수 있다. 이는 특화된 내인성 폴리머라제에 신호전달하여 약 200개 A 잔기 (폴리A)의 스트레치를 전사체의 3' 단부에 첨가한다. 이러한 폴리A 테일로 변형된 RNA 분자는 더 안정하게 나타나고 더 효율적으로 번역된다. 이에 따라, 진핵생물을 수반하는 일부 실시양태에서, 종결인자는 RNA의 절단을 위한 신호를 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, 종결인자 신호는 메시지의 폴리아데닐화를 촉진한다. 종결인

자 및/또는 폴리아데닐화 부위 요소는 출력 핵산 수준을 증진시키고/거나 핵산 사이의 번역 초과를 최소화하는 역할을 할 수 있다.

[0099] 본 개시내용에 따라 사용하기 위한 종결인자는 본원에 기재되거나 또는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 알려진 임의의 전사 종결인자를 포함한다. 종결인자의 예는, 비제한적으로, 유전자의 종결 서열 예컨대, 예를 들어, 소 성장 호르몬 종결인자, 및 바이러스 종결 서열 예컨대, 예를 들어, SV40 종결인자, spy, yejM, secG-leuU, thrLABC, rrnB T1, hisLGDCBHAFI, metZWV, rrnC, xapR, aspA 및 arcA 종결인자를 포함한다. 일부 실시양태에서, 종결 신호는 전사 또는 번역될 수 없는 서열, 예컨대 서열 말단절단으로부터 초래되는 것들일 수 있다.

[0100] "우드척 간염 바이러스 (WHP) 전사후 조절 요소 (WPRE)"는 전사될 때 발현을 증진시키는 3차 구조를 생성하는 DNA 서열이다. 바이러스 벡터에 의해 전달된 유전자의 발현을 증가시키기 위해 분자 생물학에서 통상적으로 사용된다. WPRE는 감마, 알파, 및 베타 구성성분을 갖는 3부분 조절 요소이다. 완전 WPRE 서열은 609bp 길이다:

```
GCTTATCGATAATCAACCTCTGGATTACAAAATTTGTGAAAGATTGACTGGTATTCT
TAACATATGTTGCTCCTTTTACGCTATGTGGATACGCTGCTTTAATGCCTTTGTATCAT
GCTATTGCTTCCCGTATGGCTTTTCATTTTCTCCTCCTTGTATAAATCCTGGTTGCTGTC
TCTTTATGAGGAGTTGTGGCCCGTTGTGACGCAACGTGGCGTGGTGTGCACTGTGTT
TGCTGACGCAACCCCCACTGGTTGGGGCATTGCCACCACCTGTCAGCTCCTTTCCGG
GACTTTCGCTTTCCCCCTCCCTATTGCCACGGCGGAACATCGCCGCCTGCCTTGCC
CGCTGCTGGACAGGGGCTCGGCTGTTGGGCACTGACAATCCGTGGTGTGTCGGGG
AAATCATCGTCCTTTCTTGGCTGCTCGCCTATGTTGCCACCTGGATTCTGCGCGGGA
CGTCCTTCTGCTACGTCCCTTCGGCCCTCAATCCAGCGGACCTTCCTTCCCGCGGCCT
GCTGCCGGCTCTGCGGCCTCTTCCGCGCTTTCGCCTTCGCCCTCAGACGAGTCGGAT
CTCCCTTTGGGCCCGCCTCCCCGCATCGATACCG (SEQ ID NO:376).
```

[0101]

[0102] "아데노-연관 바이러스" 또는 "AAV"는 인간 및 일부 다른 영장류 종을 감염시키는 바이러스이다. 야생형 AAV 게놈은 양성- 또는 음성-센스의 단일-가닥 데옥시리보핵산 (ssDNA)이다. 게놈은 DNA 가닥의 각각의 단부에 1개씩 2개의 역전된 말단 반복부 (ITR), 및 2개의 오픈 리딩 프레임 (ORF): ITR 사이의 rep 및 cap를 포함한다. rep ORF는 AAV 생활 주기에 요구되는 Rep 단백질을 코딩하는 4개의 중첩 유전자를 포함한다. cap ORF는 바이러스 캡시드를 형성하기 위해 함께 상호작용하는 캡시드 단백질: VP1, VP2 및 VP3을 코딩하는 중첩 유전자를 포함한다. VP1, VP2 및 VP3은 하나의 mRNA 전사체로부터 번역되며, 이는 2가지 상이한 방식으로 스플라이싱될 수 있는데: 더 길거나 또는 더 짧은 인트론은 절제되어 mRNA의 2개의 이소형: ~2.3 kb- 및 ~2.6 kb-길이 mRNA 이소형의 형성을 초래할 수 있다. 캡시드는 AAV 게놈을 보호할 수 있는 비-외피보유, T-1 이십면체 격자로의 대략 60개의 개별 캡시드 단백질 서브유닛의 초분자 어셈블리를 형성한다. 성숙 캡시드는 약 1:1:10 비의 VP1, VP2, 및 VP3 (각각 대략 87, 73, 및 62 kDa의 분자 질량)으로 구성된다.

[0103] rAAV 입자는 핵산 벡터 (예를 들어, 재조합 게놈)를 포함할 수 있으며, 이는 최소로 하기를 포함할 수 있다: (a) 관심 단백질 또는 폴리펩티드 (예를 들어, 스플릿 Cas9 또는 스플릿 핵염기) 또는 관심 RNA (예를 들어, gRNA)를 코딩하는 서열을 포함하는 하나 이상의 이중 핵산 영역, 또는 Rep 단백질을 코딩하는 서열을 포함하는 하나 이상의 핵산 영역; 및 (b) 하나 이상의 핵산 영역 (예를 들어, 이중 핵산 영역)을 플랭킹하는 역전된 말단 반복부 (ITR) 서열 (예를 들어, 야생형 ITR 서열 또는 조작된 ITR 서열)을 포함하는 하나 이상의 영역. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 4 kb 내지 5 kb 크기 (예를 들어, 4.2 내지 4.7 kb 크기)이다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 Rep 단백질을 코딩하는 영역을 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 원형이다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 단일-가닥이다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 이중-가닥이다. 일부 실시양태에서, 이중-가닥 핵산 벡터는, 예를 들어, 핵산 벡터의 또 다른 영역에 대해 상보적인 핵산 벡터의 영역을 함유하는 자기-상보적 벡터일 수 있으며, 이는 핵산 벡터의 이중-가닥의 형성을 개시한다.

[0104] 본원에 사용된 바와 같은, 용어 "핵산", 및 "폴리뉴클레오타이드"는 핵염기 및 산성 모이어티, 예를 들어, 뉴클레오타이드, 또는 뉴클레오타이드의 중합체를 포함하는 화합물을 지칭한다. 전형적으로, 중합체형 핵산, 예를 들어, 3개 이상의 뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 분자는 선형 분자이며, 여기서 인접 뉴클레오타이드는 포스포다이에스테르 연결을 통해 서로 연결된다. 일부 실시양태에서, "핵산"은 개별 핵산 잔기 (예를 들어 뉴클레오타이드 및/또는 뉴클레오시드)를 지칭한다. 일부 실시양태에서, "핵산"은 3개 이상의 개별 뉴클레오타이드 잔기를 포함하는

올리고뉴클레오타이드 쇄를 지칭한다. 본원에 사용된 바와 같은, 용어 "올리고뉴클레오타이드" 및 "폴리뉴클레오타이드"는 뉴클레오타이드의 중합체 (예를 들어, 일련의 적어도 3개 뉴클레오타이드)를 지칭하기 위해 상호교환가능하게 사용될 수 있다. 일부 실시양태에서, "핵산"은 RNA 뿐만 아니라 단일 및/또는 이중-가닥 DNA를 포괄한다. 핵산은, 예를 들어, 게놈, 전사체, mRNA, tRNA, rRNA, siRNA, snRNA, 플라스미드, 코스미드, 염색체, 크로마티드, 또는 다른 천연 발생 핵산 분자의 맥락에서 천연 발생될 수 있다. 다른 한편으로, 핵산 분자는, 임의적으로 비-천연 발생 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오시드를 포함한, 비-천연 발생 분자, 예를 들어, 재조합 DNA 또는 RNA, 인공 염색체, 조작된 게놈 (예를 들어, 조작된 바이러스 벡터), 조작된 벡터, 또는 그의 단편, 또는 합성 DNA, RNA, 또는 DNA/RNA 하이브리드일 수 있다. 게다가, 용어 "핵산", "DNA", "RNA", 및/또는 유사한 용어는 핵산 유사체, 예를 들어, 포스포디에스테르 백본 이외의 것을 갖는 유사체를 포함한다. 핵산은 천연 공급원으로부터 정제되고, 재조합 발현 시스템을 사용하여 생성되고, 임의적으로 정제되고, 화학적으로 합성된 것 등일 수 있다. 적절한 경우에, 예를 들어, 화학적으로 합성된 분자의 경우에, 핵산은 뉴클레오시드 유사체 예컨대 화학적으로 변형된 염기 또는 당, 및 백본 변형을 갖는 유사체를 포함할 수 있다. 핵산 서열은 달리 나타내지 않는 한 5'에서 3'으로의 방향으로 제시된다. 일부 실시양태에서, 핵산은 천연 뉴클레오시드 (예를 들어 아데노신, 티미딘, 구아노신, 시티딘, 우리딘, 데옥시아데노신, 데옥시티미딘, 데옥시구아노신, 및 데옥시시티딘); 뉴클레오시드 유사체 (예를 들어, 2-아미노아데노신, 2-티오티미딘, 이노신, 피콜로-피리미딘, 3-메틸아데노신, 5-메틸시티딘, 2-아미노아데노신, C5-브로모우리딘, C5-플루오로우리딘, C5-아이오도우리딘, C5-프로피닐-우리딘, C5-프로피닐-시티딘, C5-메틸시티딘, 2-아미노아데노신, 7-테아자아데노신, 7-테아자구아노신, 8-옥소아데노신, 8-옥소구아노신, 0(6)-메틸구아닌, 및 2-티오시티딘); 화학적으로 변형된 염기; 생물학적으로 변형된 염기 (예를 들어, 메틸화된 염기); 삽입된 염기; 변형된 당 (예를 들어, 2'-플루오로리보스, 리보스, 2'-데옥시리보스, 아라비노스, 및 핵소스); 및/또는 변형된 포스페이트 기 (예를 들어, 포스포로티오에이트 및 5'-N-포스포르아미다이트 연결)이거나 또는 그를 포함한다.

[0105] 용어 "단백질", "펩티드", 및 "폴리펩티드"는 본원에서 상호교환가능하게 사용되며, 펩티드 (아미드) 결합에 의해 함께 연결된 아미노산 잔기의 중합체를 지칭한다. 상기 용어는 임의의 크기, 구조, 또는 기능의 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드를 지칭한다. 전형적으로, 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드는 적어도 3개 아미노산 길이일 것이다. 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드는 개별 단백질 또는 단백질의 집합을 지칭할 수 있다. 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드 내 아미노산 중 하나 이상은, 예를 들어, 화학적 엔티티, 예컨대 탄수화물기, 히드록실기, 포스페이트기, 파르네실기, 이소파르네실기, 지방산기, 접합을 위한 링커의 첨가, 관능화, 또는 다른 변형 등에 의해 변형될 수 있다. 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드는 또한 단일 분자일 수 있거나 또는 다중-분자 복합체일 수 있다. 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드는 단지 천연 발생 단백질 또는 펩티드의 단편일 수 있다. 단백질, 펩티드, 또는 폴리펩티드는 천연 발생, 재조합, 또는 합성, 또는 그의 임의의 조합일 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "융합 단백질"은 적어도 2개의 상이한 단백질로부터의 단백질 도메인을 포함하는 하이브리드 폴리펩티드를 지칭한다. 1개의 단백질은 융합 단백질의 아미노-말단 (N-말단) 부분에서 또는 카르복시-말단 (C-말단 부분) 단백질에 위치하며, 이에 따라 각각 "아미노-말단 융합 단백질" 또는 "카르복시-말단 융합 단백질"을 형성할 수 있다. 단백질은 상이한 도메인, 예를 들어, 핵산 결합 도메인 (예를 들어, 표적 부위에 대한 단백질의 결합을 지시하는 Cas9의 gRNA 결합 도메인) 및 핵산 절단 도메인 또는 핵산 에디팅 단백질의 촉매적 도메인을 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, 단백질은 핵산, 예를 들어, RNA 또는 DNA와의 복합체로 있거나 또는 그와 회합된다. 본원에 제공된 임의의 단백질은 관련 기술분야에 알려진 임의의 방법에 의해 생성될 수 있다. 예를 들어, 본원에 제공된 단백질은 재조합 단백질 발현 및 정제를 통해 생성될 수 있으며, 이는 펩티드 링커를 포함하는 융합 단백질에 특히 적합하다. 재조합 단백질 발현 및 정제를 위한 방법은 널리 알려져 있고, 문헌 [Green and Sambrook, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (4th ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (2012))]에 의해 기재된 것들을 포함하며, 이는 본원에 참조로 포함된다.

[0106] 본원에 사용된 바와 같은, 용어 "대상체"는 개별 유기체, 예를 들어, 개별 포유동물을 지칭한다. 일부 실시양태에서, 대상체는 인간이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 비-인간 포유동물이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 비-인간 영장류이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 설치류 (예를 들어, 마우스, 래트)이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 가축이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 양, 염소, 소, 고양이, 또는 개이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 연구용 동물이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 유전적으로 조작된 것, 예를 들어 유전적으로 조작된 비-인간 대상체이다. 대상체는 어느 한 성별일 수 있고 임의의 발생 단계에 있을 수 있다.

[0107] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "재조합"은 단백질 또는 핵산의 맥락에서 천연에서 발생하지 않지만, 인간 조작

의 산물인 단백질 또는 핵산을 지칭한다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, 재조합 단백질 또는 핵산 분자는 임의의 천연 발생 서열과 비교 시 적어도 1개, 적어도 2개, 적어도 3개, 적어도 4개, 적어도 5개, 적어도 6개, 또는 적어도 7개 돌연변이를 포함하는 아미노산 또는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 본원에 기재된 융합 단백질 (예를 들어, 염기 에디터)은 재조합적으로 제조된다. 재조합 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 친숙하다.

[0108] 용어 "제약상 허용되는 담체"는 신체의 한 부위 (예를 들어, 전달 부위)에서 또 다른 부위 (예를 들어, 기관, 조직 또는 신체의 부분)로 화합물을 운반하거나 수송하는데 수반되는 제약상 허용되는 물질, 조성물 또는 비히클, 예컨대 액체 또는 고체 충전제, 희석제, 부형제, 제조 보조제 (예를 들어, 윤활제, 활석 마그네슘, 칼슘 또는 아연 스테아레이트, 또는 스테아르산), 또는 용매 캡슐화 물질을 의미한다. 제약상 허용되는 담체는 제제의 다른 성분과 상용성이고 대상체의 조직에 유해하지 않다는 (예를 들어, 생리학상 상용성, 멸균, 생리적 pH 등) 의미에서 "허용된다".

[0109] 본원에 사용된 바와 같은 "치료 유효량"은 단독으로 또는 하나 이상의 다른 치료제와 조합하여 대상체에게 치료 효과를 부여하는데 요구되는 본 개시내용에 기재된 각각의 치료제 (예를 들어, 핵염기 에디터, rAAV)의 양을 지칭한다. 유효량은, 관련 기술분야의 통상의 기술자에 의해 인식되는 바와 같이, 치료될 특정한 병태, 병태의 중증도, 연령, 신체 상태, 체격, 성별, 및 체중을 포함한 개별 대상체 파라미터, 치료의 지속기간, 공동 요법의 속성 (존재하는 경우), 구체적 투여 경로 및 건강 진료의 지식 및 경험 내의 다른 인자에 따라 달라진다. 이들 인자는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 널리 알려져 있고 상용 실험으로만 다루어질 수 있다. 일반적으로 개별 구성성분 또는 그의 조합의 최대 용량, 즉 타당한 의학적 판단에 따른 가장 높은 안전한 용량이 사용되는 것이 바람직하다. 그러나, 대상체가 의학적 이유, 심리적 이유로, 또는 실질적으로 임의의 다른 이유로 더 낮은 용량 또는 허용가능한 용량을 주장할 수 있다는 것이 관련 기술분야의 통상의 기술자에 의해 이해될 것이다. 실험적 고려사항, 예컨대 반감기는 일반적으로 투여량의 결정에 기여할 것이다. 예를 들어, 인간 면역계와 상용성인 치료제, 예컨대 인간화 항체 또는 완전 인간 항체로부터의 영역을 포함하는 폴리펩티드는, 폴리펩티드의 반감기를 연장시키고 폴리펩티드가 숙주의 면역계에 의해 공격받는 것을 방지하기 위해 사용될 수 있다.

[0110] "그를 필요로 하는 대상체"는 질환, 질환의 증상, 또는 질환에 대한 소인을 치유하거나, 낮게 하거나, 경감시키거나, 완화시키거나, 변경시키거나, 해결하거나, 호전시키거나, 개선시키거나, 또는 영향을 미치기 위한 목적으로, 질환, 질환의 징후 및/또는 증상, 또는 질환에 대한 소인을 갖는 개체를 지칭한다. 일부 실시양태에서, 대상체는 포유동물이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 비-인간 영장류이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 인간이다. 일부 실시양태에서, 포유동물은 설치류이다. 일부 실시양태에서, 설치류는 마우스이다. 일부 실시양태에서, 설치류는 래트이다. 일부 실시양태에서, 포유동물은 반려 동물이다. "반려 동물"은 애완동물 및 다른 가축을 지칭한다. 반려 동물의 비제한적 예는 개 및 고양이; 가축, 예컨대 말, 소, 돼지, 양, 염소, 및 닭; 및 다른 동물, 예컨대 마우스, 래트, 기니 피그, 및 햄스터를 포함한다.

[0111] 용어 "치료", "치료하다", 및 "치료하는"은 본원에 기재된 바와 같은, 질환 또는 장애, 또는 그의 하나 이상의 증상을 역전시키거나, 완화시키거나, 그의 발병을 지연시키거나, 또는 그의 진행을 억제하는 것을 목표로 하는 임상 개입을 지칭한다. 본원에 사용된 바와 같은, 용어 "치료", "치료하다", 및 "치료하는"은 본원에 기재된 바와 같은, 질환 또는 장애, 또는 그의 하나 이상의 증상을 역전시키거나, 완화시키거나, 그의 발병을 지연시키거나, 또는 그의 진행을 억제하는 것을 목표로 하는 임상 개입을 지칭한다. 일부 실시양태에서, 치료는 하나 이상의 증상이 발생한 후에 및/또는 질환이 진단된 후에 투여될 수 있다. 다른 실시양태에서, 치료는 증상의 부재 하에, 예를 들어, 증상의 발병을 예방 또는 지연시키거나 또는 질환의 발병 또는 진행을 억제하기 위해 투여될 수 있다. 예를 들어, 치료는 증상의 발병 전에 (예를 들어, 증상의 병력에 비추어 및/또는 유전적 또는 다른 감수성 인자에 비추어) 감수성인 개체에게 투여될 수 있다. 치료는 또한, 예를 들어, 그의 재발을 방지 또는 지연시키기 위해, 증상이 해소된 후에 계속될 수 있다.

[0112] 특정 실시양태의 상세한 설명

[0113] 스플릿 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 코딩하는 핵산을 포함하는 조성물 (예를 들어, 벡터, 재조합 바이러스) 및 키트, 및 이러한 핵산을 사용하여 핵염기 에디터 또는 Cas9 단백질을 세포 내로 전달하는 방법이 본원에 제공된다. 핵염기 에디터 또는 Cas9 단백질의 N-말단 부분 및 C-말단 부분은 별개의 핵산 상에서 코딩되고, 예를 들어, 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV 입자) 전달을 통해 세포 내로 전달된다. 핵염기 에디터 또는 Cas9 단백질의 N-말단 부분 및 C-말단 부분에 상응하는 폴리펩티드는, 예를 들어, 인테인-매개 단백질 스플라이싱을 통해, 연합되어 완전 핵염기 에디터 또는 Cas9 단백질을 형성할 수 있다.

- [0114] 따라서, 본 개시내용의 일부 측면은 (i) Cas9 단백질의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 Cas9 단백질의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오티드 서열; 및 (ii) Cas9 단백질의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오티드 서열을 포함하는 조성물로서, 여기서 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 적어도 하나의 2부분 핵 국제화 신호 (NLS)를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결되는 것인 조성물에 관한 것이다.
- [0115] 제1 및 제2 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 Cas9 단백질은 "스플릿 Cas9"로서 본원에서 지칭된다. Cas9 단백질은 무질서 링커에 의해 연결된 N-말단 로브 및 C-말단 로브를 갖는 것으로 알려져 있다 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된, 문헌 [Nishimasu *et al.*, Cell, Volume 156, Issue 5, pp. 935-949, 2014]에 기재된 바와 같음). 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질의 N-말단 부분은 Cas9 단백질의 N-말단 로브를 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 Cas9 단백질의 C-말단 로브를 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 아미노산 1-(550-650)에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다. "1-(550-650)"은 아미노산 1에서 시작하고 아미노산 550-650 (경계값 포함) 사이의 어느 곳에서 종료하는 것을 의미한다. 예를 들어, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 아미노산 1-550, 1-551, 1-552, 1-553, 1-554, 1-555, 1-556, 1-557, 1-558, 1-559, 1-560, 1-561, 1-562, 1-563, 1-564, 1-565, 1-566, 1-567, 1-568, 1-569, 1-570, 1-571, 1-572, 1-573, 1-574, 1-575, 1-576, 1-577, 1-578, 1-579, 1-580, 1-581, 1-582, 1-583, 1-584, 1-585, 1-586, 1-587, 1-588, 1-589, 1-590, 1-591, 1-592, 1-593, 1-594, 1-595, 1-596, 1-597, 1-598, 1-599, 1-600, 1-601, 1-602, 1-603, 1-604, 1-605, 1-606, 1-607, 1-608, 1-609, 1-610, 1-611, 1-612, 1-613, 1-614, 1-615, 1-616, 1-617, 1-618, 1-619, 1-620, 1-621, 1-622, 1-623, 1-624, 1-625, 1-626, 1-627, 1-628, 1-629, 1-630, 1-631, 1-632, 1-633, 1-634, 1-635, 1-636, 1-637, 1-638, 1-639, 1-640, 1-641, 1-642, 1-643, 1-644, 1-645, 1-646, 1-647, 1-648, 1-649, 또는 1-650에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 1-573 또는 1-637에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다.
- [0116] 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 스플릿 Cas9의 N-말단 부분과 결합되어 완전 Cas9 단백질을 형성할 수 있다. 일부 실시양태에서, Cas9 단백질의 C-말단 부분은 Cas9 단백질의 N-말단 부분이 종료하는 곳에서 시작한다. 이와 같이, 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 (551-651)-1368에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다. "(551-651)-1368"은 아미노산 551-651 (경계값 포함) 사이의 아미노산에서 시작하고 아미노산 1368에서 종료하는 것을 의미한다. 예를 들어, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 551-1368, 552-1368, 553-1368, 554-1368, 555-1368, 556-1368, 557-1368, 558-1368, 559-1368, 560-1368, 561-1368, 562-1368, 563-1368, 564-1368, 565-1368, 566-1368, 567-1368, 568-1368, 569-1368, 570-1368, 571-1368, 572-1368, 573-1368, 574-1368, 575-1368, 576-1368, 577-1368, 578-1368, 579-1368, 580-1368, 581-1368, 582-1368, 583-1368, 584-1368, 585-1368, 586-1368, 587-1368, 588-1368, 589-1368, 590-1368, 591-1368, 592-1368, 593-1368, 594-1368, 595-1368, 596-1368, 597-1368, 598-1368, 599-1368, 600-1368, 601-1368, 602-1368, 603-1368, 604-1368, 605-1368, 606-1368, 607-1368, 608-1368, 609-1368, 610-1368, 611-1368, 612-1368, 613-1368, 614-1368, 615-1368, 616-1368, 617-1368, 618-1368, 619-1368, 620-1368, 621-1368, 622-1368, 623-1368, 624-1368, 625-1368, 626-1368, 627-1368, 628-1368, 629-1368, 630-1368, 631-1368, 632-1368, 633-1368, 634-1368, 635-1368, 636-1368, 637-1368, 638-1368, 639-1368, 640-1368, 641-1368, 642-1368, 643-1368, 644-1368, 645-1368, 646-1368, 647-1368, 648-1368, 649-1368, 650-1368, 또는 651-1368에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1의 아미노산 574-1368 또는 638-1368에 상응하는 서열식별번호: 1-275 및 394-397 중 어느 하나의 부분을 포함한다.
- [0117] Cas9 변이체는 또한 본원에 기재된 방법을 사용하여 세포로 전달될 수 있다. 예를 들어, Cas9 변이체는 또한 본원에 기재된 바와 같이 "스플릿"될 수 있다. Cas9 변이체는 본원에 제공된 Cas9 서열 중 어느 하나에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, Cas9 변이체는 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 임의의 Cas9 단백질보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, UGI는 본원에 제공된 임의의 Cas9 단백질보

다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 또는 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0118] 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 Cas9 서열 중 어느 하나의 상응하는 부분에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 Cas9 단백질의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 Cas9 단백질의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 또는 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0119] 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 Cas9 서열 중 어느 하나의 상응하는 부분에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 Cas9 단백질의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 Cas9 단백질의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 또는 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.

[0120] 일부 실시양태에서, Cas9 변이체는 dCas9 또는 nCas9이다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 D10A 돌연변이에 상응하는 돌연변이를 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 D10A 돌연변이에 상응하는 돌연변이를 포함하고, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 H840A 돌연변이에 상응하는 돌연변이를 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9의 N-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 D10A 돌연변이에 상응하는 돌연변이를 포함하고, 스플릿 Cas9의 C-말단 부분은 서열식별번호: 1에서의 위치 840에 상응하는 위치에서 히스티딘을 포함한다.

[0121] 일부 실시양태에서, Cas9 단백질의 N-말단 부분 및 Cas9 단백질의 C-말단 부분을 연합하기 위해, 인테인 시스템이 사용될 수 있다. 일부 실시양태에서, Cas9의 N-말단 부분은 인테인-N에 융합된다. 일부 실시양태에서, 인테인-N은 Cas9의 N-말단 부분의 C-말단에 융합되어 NH_2 -[Cas9의 N-말단 부분]-[인테인-N]-COOH의 구조를 형성한다. 일부 실시양태에서, 인테인-N은 dnaE-n 유전자에 의해 코딩된다. 일부 실시양태에서, 인테인-N은 서열식별번호: 350-351 및 354-355 중 어느 하나의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, Cas9의 C-말단 부분은 인테인-C에 융합되고, 인테인-C는 Cas9의 C-말단 부분의 N-말단에 융합되어 NH_2 -[인테인-C]-[Cas9의 C-말단 부분]-COOH의 구조를 형성한다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 dnaE-c 유전자에 의해 코딩된다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 서열식별번호: 352-353 및 356-357 중 어느 하나의 아미노산 서열을 포함한다. 다른 스플릿 인테인 시스템이 또한 본 개시내용에서 사용될 수 있고 관련 기술분야에 알려져 있다.

[0122] 스플릿 핵염기 에디터는 본 개시내용에서 사용될 수 있다. 본 개시내용의 일부 측면은 (i) 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 핵염기 에디터의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오티드 서열; 및 (ii) 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오티드 서열을 포함하는 조성물에 관한 것이다.

[0123] 핵염기 에디터 변이체가 고려된다. 예를 들어, 핵염기 에디터 변이체는 또한 본원에 기재된 바와 같이 "스플릿"될 수 있다. 핵염기 에디터 변이체는 본원에 제공된 핵염기 에디터 서열 (서열식별번호: X-X) 중 어느 하나에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

- [0124] 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 핵염기 에디터 중 어느 하나의 상응하는 부분에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 또는 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.
- [0125] 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 본원에 (예를 들어, 실시예 1에) 제공된 핵염기 에디터 중 어느 하나의 상응하는 부분에 대해 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 적어도 99.5% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 30% 이하, 25% 이하, 20% 이하, 15% 이하, 10% 이하, 5% 이하, 1% 이하만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 본원에 제공된 임의의 핵염기 에디터의 상응하는 부분보다 더 짧거나 또는 더 긴 길이인 (예를 들어, 200개 이하의 아미노산, 150개 이하의 아미노산, 100개 이하의 아미노산, 50개 이하의 아미노산, 10개 이하의 아미노산, 5개 이하의 아미노산, 또는 2개 이하의 아미노산만큼 더 길거나 또는 더 짧은) 아미노산 서열을 포함한다.
- [0126] 본원에 기재된 바와 같이, 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 뉴클레아제-불활성 Cas9 단백질 (dCas9) 또는 Cas9 니카제 (nCas9)의 N-말단 부분을 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 핵염기 변형 효소 (예를 들어, 뉴클레아제, 니카제, 레콤비나제, 데아미나제, DNA 복구 효소, DNA 손상 효소, 디스뮤타제, 알킬화 효소, 탈퓨린화 효소, 산화 효소, 효소, 피리미딘 이량체 형성 효소, 인테그라제, 트랜스포사제, 폴리머라제, 리가제, 헬리카제, 토폴리아제, 글리코실라제, 후성적 변형제 예컨대 메틸라제, 아세틸라제, 메틸트랜스퍼라제, 데메틸라제 등)를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 변형 효소는 데아미나제 (예를 들어, 시토신 데아미나제 또는 아데노신 데아미나제, 또는 그의 기능적 변이체)이다. 일부 실시양태에서, 핵염기 변형 효소는 스플릿 dCas9 또는 스플릿 nCas9의 N-말단 부분의 N-말단에 융합된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 하기 구조의 것을 갖는다: NH_2 -[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9의 N-말단 부분]-COOH. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 인테인 N에 융합된다. 일부 실시양태에서, 인테인-N은 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에 융합된다.
- [0127] 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열은 구조 NH_2 -[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9의 N-말단 부분]-[인테인-N]-COOH를 포함하는 폴리펩티드를 코딩한다.
- [0128] 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 뉴클레아제-불활성 Cas9 단백질 (dCas9) 또는 Cas9 니카제 (nCas9)의 C-말단 부분을 포함한다. 일부 실시양태에서, 핵염기 변형 효소는 스플릿 dCas9 또는 스플릿 nCas9의 C-말단 부분의 C-말단에 융합된다. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 하기 구조의 것을 갖는다: NH_2 -[dCas9 또는 nCas9의 C-말단 부분]-[핵염기 변형 효소]-COOH. 일부 실시양태에서, 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 Cas9 단백질의 C-말단 부분에 융합된 인테인-C를 포함한다. 일부 실시양태에서, 인테인-C는 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된다. 일부 실시양태에서, 제2 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH_2 -[인테인-C]-[Cas9 단백질의 C-말단 부분]-COOH.
- [0129] 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분은 우라실 글리코실라제 (UGI)의 억제제를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH_2 -[UGI]-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9의 N-말단 부분]-[인테인-N]. 일부 실시양태에서, 제1 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH_2 -[핵염기 변형 효소]-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9의 N-말단 부분]-[인테인-N].
- [0130] 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 우라실 글리코실라제 (UGI)의 활성을 억제하는 효소를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 제2 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH_2 -

[인테인-C]-[dCas9 또는 nCas9의 C-말단 부분]-[UGI]-COOH. 일부 실시양태에서, 제2 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH₂-[인테인-C]-[dCas9 또는 nCas9의 C-말단 부분]-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-COOH. 일부 실시양태에서, 제2 뉴클레오티드 서열은 하기 구조의 폴리펩티드를 코딩한다: NH₂-[인테인-C]-[dCas9 또는 nCas9의 C-말단 부분]-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-COOH.

- [0131] 일부 실시양태에서, 핵염기의 N-말단 부분 및 C-말단 부분이 연합되는 경우에, 완전 스플릿 핵염기 에디터를 형성한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 핵염기 에디터는 하기 구조 중 어느 하나를 포함할 수 있다:
- [0132] NH₂-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0133] NH₂-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0134] NH₂-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0135] NH₂-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-COOH
- [0136] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0137] NH₂-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0138] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-COOH 또는
- [0139] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-COOH.
- [0140] 일부 실시양태에서, (스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는) 제1 뉴클레오티드 서열 또는 제2 뉴클레오티드 서열은 적어도 하나의 2부분 핵 국제화 신호(NLS)를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결된다. 예를 들어, 제1 뉴클레오티드 서열은 하나 이상 (예를 들어, 2, 3, 4, 5개, 또는 그 초과)의 2부분 NLS를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결될 수 있다. 일부 실시양태에서, 제2 뉴클레오티드 서열은 하나 이상 (예를 들어, 2, 3, 4, 5개, 또는 그 초과)의 2부분 NLS를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 작동가능하게 연결될 수 있다. 이와 같이, N-말단 부분 및 C-말단 부분을 연합함으로써 형성된 스플릿 Cas9 또는 스플릿 핵염기 에디터는 하나 이상의 2부분 NLS를 포함할 수 있다. 예를 들어, 스플릿 Cas9 또는 스플릿 핵염기 에디터는 하기 구조 중 어느 하나를 포함할 수 있다 (bNLS는 하나 이상의 2부분 핵 국제화 신호를 의미함):
- [0141] NH₂-bNLS-[Cas9]-COOH
- [0142] NH₂-[Cas9]-bNLS-COOH
- [0143] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0144] NH₂-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0145] NH₂-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH
- [0146] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH
- [0147] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0148] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH
- [0149] NH₂-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0150] NH₂-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0151] NH₂-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS[dCas9 또는 nCas9]-COOH
- [0152] NH₂-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH

- [0153] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0154] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0155] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0156] $\text{NH}_2\text{-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0157] $\text{NH}_2\text{-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0158] $\text{NH}_2\text{-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0159] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0160] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0161] $\text{NH}_2\text{-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0162] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0163] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0164] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0165] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0166] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0167] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0168] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0169] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0170] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0171] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0172] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-COOH}$
- [0173] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0174] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0175] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-COOH}$
- [0176] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-COOH}$
- [0177] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-COOH}$
- [0178] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-COOH}$
- [0179] $\text{NH}_2\text{-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-COOH}$
- [0180] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-COOH}$
- [0181] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-COOH}$
- [0182] $\text{NH}_2\text{-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-COOH}$

- [0183] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-COOH
- [0184] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-COOH
- [0185] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH
- [0186] NH₂-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH
- [0187] NH₂-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH
- [0188] NH₂-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0189] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0190] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0191] NH₂-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0192] NH₂-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0193] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0194] NH₂-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0195] NH₂-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0196] NH₂-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0197] NH₂-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0198] NH₂-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0199] NH₂-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0200] NH₂-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0201] NH₂-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0202] NH₂-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0203] NH₂-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0204] NH₂-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0205] NH₂-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0206] NH₂-bNLS-[UGI]-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0207] NH₂-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0208] NH₂-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0209] NH₂-bNLS-[UGI]-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0210] NH₂-bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0211] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0212] NH₂-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH

- [0213] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0214] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS[UGI]-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0215] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0216] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0217] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0218] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0219] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0220] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-COOH
- [0221] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0222] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0223] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0224] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[UGI]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-COOH
- [0225] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-COOH
- [0226] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-COOH
- [0227] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-COOH
- [0228] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-COOH
- [0229] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-COOH
- [0230] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-COOH
- [0231] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-COOH
- [0232] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-COOH
- [0233] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-COOH
- [0234] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH
- [0235] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-COOH
- [0236] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-[UGI]-bNLS-COOH
- [0237] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH
- [0238] NH_2 -[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH 또는
- [0239] NH_2 -bNLS-[dCas9 또는 nCas9]-bNLS-[핵염기 변형 효소]-bNLS-[UGI]-bNLS-COOH.
- [0240] 여기서, " NH_2 -"는 단백질 또는 폴리펩티드의 N-말단을 나타내고, "-COOH"는 단백질 또는 폴리펩티드의 C-말단을 나타낸다. "-["는 펩티드 결합 또는 링커를 나타낸다. 일부 실시양태에서, 링커는 본원에 기재된 임의의 단백질 또는 단백질 도메인을 연결하는데 사용될 수 있다. 링커는 공유 결합만큼 단순할 수 있거나, 또는 이는 많은 원자 길이의 중합체성 링커일 수 있다. 일부 실시양태에서, 링커는 폴리펩티드이거나 또는 아미노산을 기반으로 한다. 일부 실시양태에서, 링커는 펩티드-유사가 아니다. 일부 실시양태에서, 링커는 공유 결합 (예를

들어, 탄소-탄소 결합, 디설피드 결합, 탄소-헤테로원자 결합 등)이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미드 연결의 탄소-질소 결합이다. 일부 실시양태에서, 링커는 시클릭 또는 비시클릭, 치환 또는 비치환, 분지형 또는 비분지형 지방족 또는 헤테로지방족 링커이다. 일부 실시양태에서, 링커는 중합체성 (예를 들어, 폴리에틸렌, 폴리에틸렌 글리콜, 폴리아미드, 폴리에스테르 등)이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노알칸산의 단량체, 이량체, 또는 중합체를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노알칸산 (예를 들어, 글리신, 에탄산, 알라닌, 베타-알라닌, 3-아미노프로판산, 4-아미노부탄산, 5-펜탄산 등)을 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노핵산(Ahx)의 단량체, 이량체, 또는 중합체를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 카르보시클릭 모이어티 (예를 들어, 시클로펜탄, 시클로헥산)를 기반으로 한다. 일부 실시양태에서, 링커는 폴리에틸렌 글리콜 모이어티 (PEG)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산을 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 펩티드를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아릴 또는 헤테로아릴 모이어티를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 페닐 고리를 기반으로 한다. 링커는 펩티드에서 링커로의 친핵체 (예를 들어, 티올, 아미노)의 부착을 용이하게 하는 관능화된 모이어티를 포함할 수 있다. 임의의 친전자체는 링커의 파트로서 사용될 수 있다. 예시적인 친전자체는 활성화된 에스테르, 활성화된 아미드, 마이클 수용자, 알킬 할라이드, 아릴 할라이드, 아실 할라이드, 및 이소티오시아네이트를 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[0241] 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 또는 복수개의 아미노산 (예를 들어, 펩티드 또는 단백질)이다. 일부 실시양태에서, 링커는 결합 (예를 들어, 공유 결합), 유기 분자, 기, 중합체, 또는 화학적 모이어티이다. 일부 실시양태에서, 링커는 5-100개 아미노산 길이, 예를 들어 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 30-35, 35-40, 40-45, 45-50, 50-60, 60-70, 70-80, 80-90, 90-100, 100-110, 110-120, 120-130, 130-140, 140-150, 또는 150-200개 아미노산 길이이다. 더 길거나 또는 더 짧은 링커도 또한 고려된다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: SGSETPGTSESATPES (서열식별번호: 377)를 포함하며, 이는 또한 XTEN 링커로 지칭될 수 있다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: SGGS (서열식별번호: 378)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열 (SGGS)_n (서열식별번호: 379), (GGGS)_n (서열식별번호: 380), (GGGG)_n (서열식별번호: 381), (G)_n (서열식별번호: 390), (EAAAK)_n (서열식별번호: 382), (GGG)_n, SGSETPGTSESATPES (서열식별번호: 377), 또는 (XP)_n 모티프, 또는 이들 중 임의의 것의 조합을 포함하며, 여기서 n은 독립적으로 1 내지 30 (경계값 포함)의 정수이고, 여기서 X는 임의의 아미노산이다. 일부 실시양태에서, n은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: SGSETPGTSESATPES (서열식별번호: 377), 및 SGGS (서열식별번호: 378)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGGS (서열식별번호: 383)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGGS (서열식별번호: 384)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열: GGGSSGSPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGGGSGS (서열식별번호: 385)를 포함한다.

[0242] 일부 실시양태에서, 링커는 24개 아미노산 길이이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열 SGGSSGGSSGSETPGTSESATPES (서열식별번호: 343)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 40개 아미노산 길이이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열 SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSGGSSGGGS (서열식별번호: 391)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 64개 아미노산 길이이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열 SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGGS (서열식별번호: 392)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 링커는 92개 아미노산 길이이다. 일부 실시양태에서, 링커는 아미노산 서열 PGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS (서열식별번호: 393)를 포함한다.

[0243] 일부 실시양태에서, 제1 및 제2 뉴클레오타이드 서열은 동일한 핵산 벡터 상에 있다. 일부 실시양태에서, 제1 및 제2 뉴클레오타이드 서열은 상이한 핵산 벡터 상에 있다. 일부 실시양태에서, 벡터는 플라스미드이다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV)의 재조합 게놈이다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 rAAV 입자 내에 패키징된 아데노-연관 바이러스의 게놈이다. 일부 실시양태에서, 제1 및/또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 프로모터에 작동가능하게 연결된다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 프로모터에 작동가능하게 연결된 하나 이상 (예를 들어, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10개, 또는 그 초과)의 gRNA를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 프로모터는 구성적 프로모터이다. 일부 실시양태에서, 프로모터는 유도성 프로모터이다.

- [0244] 본 개시내용의 유도성 프로모터는 하나 이상의 생리학적 조건(들), 예컨대 광, pH, 온도, 방사선, 삼투압, 염수 구배, 세포 표면 결합, 및 하나 이상의 외인성 또는 내인성 유도 작용제(들)의 농도에서의 변화에 의해 유도될 수 있다 (또는 그에 의해 저해될 수 있다). 외인성 유도인자 신호 또는 유도 작용제는, 비제한적으로, 아미노산 및 아미노산 유사체, 사카라이드 및 폴리사카라이드, 핵산, 단백질 전사 활성인자 및 저해인자, 시토카인, 독소, 석유계 화합물, 금속 함유 화합물, 염, 이온, 효소 기질 유사체, 호르몬, 또는 그의 조합을 포함할 수 있다.
- [0245] 본 개시내용의 유도성 프로모터는 본원에 기재되거나 또는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 알려진 임의의 유도성 프로모터를 포함한다. 유도성 프로모터의 예는, 비제한적으로, 화학적으로/생화학적으로-조절된 및 물리적으로-조절된 프로모터 예컨대 알콜-조절된 프로모터, 테트라시클린-조절된 프로모터 (예를 들어, 안히드로 테트라시클린 (aTc)-반응성 프로모터 및 다른 테트라시클린-반응성 프로모터 시스템, 이는 테트라시클린 저해인자 단백질 (tetR), 테트라시클린 오퍼레이터 서열 (tetO) 및 테트라시클린 전사활성인자 융합 단백질 (tTA)을 포함함), 스테로이드-조절된 프로모터 (예를 들어, 래트 글루코코르티코이드 수용체, 인간 에스트로겐 수용체, 모스 엑디손 수용체를 기반으로 하는 프로모터, 및 프로모터로부터 그 스테로이드/레티노이드/티로이드 수용체 슈퍼패밀리로부터의 프로모터), 금속-조절된 프로모터 (예를 들어, 효모, 마우스 및 인간으로부터의 메탈로티오네인 (금속 이온을 결합 및 격리시키는 단백질) 유전자로부터 유래된 프로모터), 발병기전-조절된 프로모터 (예를 들어, 살리실산, 에틸렌 또는 벤조티아디아졸 (BTH)에 의해 유도됨), 온도/열-유도성 프로모터 (예를 들어, 열 쇼크 프로모터), 및 광-조절된 프로모터 (예를 들어, 식물 세포로부터의 광 반응성 프로모터)를 포함한다. 다른 유도성 프로모터 시스템은 관련 기술분야에 알려져 있고 본 개시내용에 따라 사용될 수 있다.
- [0246] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 유도성 프로모터는 원핵 세포 (예를 들어, 박테리아 세포)에서 기능한다. 원핵 세포에서 사용하기 위한 유도성 프로모터의 예는, 비제한적으로, 박테리오파지 프로모터 (예를 들어 P1s1con, T3, T7, SP6, PL) 및 박테리아 프로모터 (예를 들어, Pbad, PmgrB, Ptrc2, Plac/ara, Ptac, Pm), 또는 그의 하이브리드 (예를 들어 PLlacO, PLtetO)를 포함한다. 본 개시내용에 따라 사용하기 위한 박테리아 프로모터의 예는, 비제한적으로, 양성적으로 조절된 이. 콜라이 프로모터, 예컨대 양성적으로 조절된 $\sigma 70$ 프로모터 (예를 들어, 유도성 pBad/araC 프로모터, Lux 카세트 우측 프로모터, 변형된 람다 Prm 프로모터, plac Or2-62 (양성), 엑스트라 REN 부위를 갖는 pBad/AraC, pBad, P(Las) TetO, P(Las) CIO, P(Rhl), Pu, FecA, pRE, cadC, hns, pLas, pLux), σS 프로모터 (예를 들어, Pdps), $\sigma 32$ 프로모터 (예를 들어, 열 쇼크), 및 $\sigma 54$ 프로모터 (예를 들어, glnAp2); 음성적으로 조절된 이. 콜라이 프로모터 예컨대 음성적으로 조절된 $\sigma 70$ 프로모터 (예를 들어, 프로모터 (PRM+), 변형된 람다 Prm 프로모터, TetR - TetR-4C P(Las) TetO, P(Las) CIO, P(Lac) IQ, RecA-DlexO-DLacO1, dapAp, FecA, Pspac-hy, pcI, plux-cl, plux-lac, CinR, CinL, 글루코스 제어됨, 변형된 Pr, 변형된 Prm+, FecA, PcyA, rec A (SOS), Rec A (SOS), EmrR-조절됨, BetI-조절됨, pLac_lux, pTet_Lac, pLac/Mnt, pTet/Mnt, LsrA/cI, pLux/cI, LacI, LacIQ, pLacIQ1, pLas/cI, pLas/Lux, pLux/Las, LexA 결합 부위를 갖는 pRecA, 역 BBA_R0011, pLacI/ara-1, pLacIq, rrnB P1, cadC, hns, Pfhua, pBad/araC, nhaA, OmpF, RcnR), σS 프로모터 (예를 들어, 대안적 시그마 인자 $\sigma 38$ 을 갖는 루츠-부야드 Lac0), $\sigma 32$ 프로모터 (예를 들어, 대안적 시그마 인자 $\sigma 32$ 을 갖는 루츠-부야드 Lac0), 및 $\sigma 54$ 프로모터 (예를 들어, glnAp2); 음성적으로 조절된 비. 서브틸리스(B. subtilis) 프로모터 예컨대 저해성 비. 서브틸리스 σA 프로모터 (예를 들어, 그람-양성 IPTG-유도성, Xyl, 하이퍼-스팬크) 및 σB 프로모터를 포함한다. 다른 유도성 미생물 프로모터가 본 개시내용에 따라 사용될 수 있다.
- [0247] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 유도성 프로모터는 진핵 세포 (예를 들어, 포유동물 세포)에서 기능한다. 진핵 세포에서 사용하기 위한 유도성 프로모터의 예는, 비제한적으로, 화학적으로-조절된 프로모터 (예를 들어, 알콜-조절된 프로모터, 테트라시클린-조절된 프로모터, 스테로이드-조절된 프로모터, 금속-조절된 프로모터, 및 발병기전-관련 (PR) 프로모터) 및 물리적으로-조절된 프로모터 (예를 들어, 온도-조절된 프로모터 및 광-조절된 프로모터)를 포함한다.
- [0248] **제조함 아데노-연관 바이러스 (rAAV)**
- [0249] 본 개시내용의 일부 측면은 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터의 세포 내로의 전달을 위해 제조함 아데노-연관 바이러스 벡터를 사용하는 것에 관한 것이다. Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 별개의 rAAV 벡터 또는 입자에 의해 동일한 세포 내로 전달되는데, 이는 전장 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터가 rAAV의 패키징 한계 (~4.9 kb)를 초과하기 때문이다.
- [0250] 이와 같이, 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터를 세포 (예를 들어, 포유동물

세포, 인간 세포) 내로 전달하기 위한 조성물이 제공된다. 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 조성물은 하기를 포함한다: (i) Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 N-말단 부분의 C-말단에서 인테인-N에 융합된 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 N-말단 부분을 코딩하는 제1 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV) 입자; 및 (ii) Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 C-말단 부분의 N-말단에 융합된 인테인-C를 코딩하는 제2 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 재조합 아데노-연관 바이러스 (rAAV) 입자. 본 개시내용의 rAAV 입자는 바이러스 캡시드 단백질에 캡시드화된 rAAV 벡터 (즉, rAAV의 재조합 게놈)를 포함한다.

[0251]

일부 실시양태에서, rAAV 벡터는 하기를 포함한다: (1) 본원에 기재된 바와 같은 임의의 형태의 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분 또는 C-말단 부분을 코딩하는 제1 또는 제2 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 이중 핵산 영역, (2) 이중 핵산 영역의 발현을 용이하게 하는 서열 (예를 들어, 프로모터)을 포함하는 하나 이상의 뉴클레오타이드 서열, 및 (3) (임의적으로 발현을 용이하게 하는 서열을 포함하는 하나 이상의 핵산 영역을 갖는) 이중 핵산 영역의 세포의 게놈 내로의 통합을 용이하게 하는 서열을 포함하는 하나 이상의 핵산 영역. 일부 실시양태에서, 통합을 용이하게 하는 바이러스 서열은 역전된 말단 반복부 (ITR) 서열을 포함한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터의 N-말단 부분 또는 C-말단 부분을 코딩하는 제1 또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 ITR 서열에 의해 양측에 대해 플랭킹된다. 일부 실시양태에서, 핵산 벡터는 ITR에 의해 플랭킹된 영역 내에서 또는 영역 외부에 함유된, 본원에 기재된 바와 같은 AAV Rep 단백질을 코딩하는 영역을 추가로 포함한다. ITR 서열은 임의의 AAV 혈청형 (예를 들어, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10개)으로부터 유래될 수 있거나, 또는 하나 이상의 혈청형으로부터 유래될 수 있다. 일부 실시양태에서, ITR 서열은 AAV2 또는 AAV6으로부터 유래된다.

[0252]

ITR 서열 및 ITR 서열을 함유하는 플라스미드는 관련 기술분야에 알려져 있으며 상업적으로 입수가능하다 (예를 들어, 하기로부터 입수가능한 제품 및 서비스 참조: 펜실베이니아주 필라델피아 소재의 벡터 바이오랩스(Vector Biolabs); 캘리포니아주 샌디에고 소재의 셀바이오랩스(Cell Biolabs); 캘리포니아주 산타 클라라 소재의 애질런트 테크놀로지스(Agilent Technologies); 매사추세츠주 캠프리지 소재의 애드진(Addgene); 및 문헌 [Gene delivery to skeletal muscle results in sustained expression and systemic delivery of a therapeutic protein. Kessler PD, Podsakoff GM, Chen X, McQuiston SA, Colosi PC, Matelis LA, Kurtzman GJ, Byrne BJ. Proc Natl Acad Sci USA. 1996 Nov 26;93(24):14082-7; 및 Curtis A. Machida. Methods in Molecular Medicine™. Viral Vectors for Gene Therapy Methods and Protocols. 10.1385/1-59259-304-6:201 © Humana Press Inc. 2003. Chapter 10. Targeted Integration by Adeno-Associated Virus. Matthew D. Weitzman, Samuel M. Young Jr., Toni Cathomen and Richard Jude Samulski]; 미국 특허 번호 5,139,941 및 5,962,313, 이들 모두는 본원에 참조로 포함됨). 예시적인 ITR 서열은 하기 제공된다.

AAV2:

TTGGCCACTCCCTCTCTGCGCGCTCGCTCGCTCACTGAGGCCGGGCGACCAAAGGTC
GCCCCGACGCCCGGGCTTTGCCCCGGGCGGGCTCAGTGAGCGAGCGAGCGCGCAGAGA
GGGAGTGGCCAACTCCATCACTAGGGGGTTTCT (SEQ ID NO: 386)

AAV3:

TTGGCCACTCCCTCTATGCGCACTCGCTCGCTCGGTGGGGCCTGGCGACCAAAGGTC
GCCAGACGGACGTGCTTTGCACGTCCGGCCCCACCGAGCGAGCGAGTGCGCATAGA
GGGAGTGGCCAACTCCATCACTAGAGGTATGGC (SEQ ID NO: 387)

AAV5:

CTCTCCCCCTGTGCGGTTTCGCTCGCTCGCTGGCTCGTTTGGGGGGGTGGCAGCTCA
AAGAGCTGCCAGACGACGGCCCTCTGGCCGTGCCCCCCCCAAACGAGCCAGCGAGC
GAGCGAACGCGACAGGGGGGAGAGTGCCACACTCTCAAGCAAGGGGGTTTTTGT
(SEQ ID NO: 388)

AAV6:

TTGCCCCACTCCCTCTATGCGCGCTCGCTCGCTCGGTGGGGCCTGCGGACCAAAGGTC
CGCAGACGGCAGAGCTCTGCTCTGCCGGCCCCACCGAGCGAGCGAGCGCGCATAGA
GGGAGTGGGCAACTCCATCACTAGGGGGTA (SEQ ID NO: 389)

[0253]

[0254]

일부 실시양태에서, 본 개시내용의 rAAV 벡터는 이중 핵산 영역의 발현을 제어하기 위한 하나 이상의 조절 요소 (예를 들어, 프로모터, 전사 종결인자, 및/또는 다른 조절 요소)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 제1 및/또는 제2 뉴클레오타이드 서열은 하나 이상 (예를 들어, 1, 2, 3, 4, 5개, 또는 그 초과)의 전사 종결인자에 작동가능하게 연결된다. 본 개시내용에 따라 사용될 수 있는 전사 종결인자의 비제한적 예는 소 성장 호르몬 유전자 (bGH), 인간 성장 호르몬 유전자 (hGH), SV40, CW3, ϕ , 또는 그의 조합의 전사 종결인자를 포함한다. 여러 전사 종결인자의 효율은 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터의 발현 수준에서의 그의 각각의 효과를 결정하기 위해 테스트된 바 있다 (예를 들어, 도 4 참조). 일부 실시양태에서, 본 개시내용에서 사용된 전사 종결인자는 bGH 전사 종결인자이다. 일부 실시양태에서, rAAV 벡터는 우드척 간염 바이러스 전사후 조절 요소 (WPRE)를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, WPRE는 전사 종결인자의 5'에 삽입된다.

[0255]

일부 실시양태에서, (본원에 고려된 임의의 형태의) rAAV 입자를 포함하는 조성물은 제약상 허용되는 담체를 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 조성물은 인간 또는 동물 대상체에게의 투여를 위해 적절한 제약 비히클로 제제화된다.

[0256]

제약상 허용되는 담체로서의 역할을 할 수 있는 물질의 일부 예는 하기를 포함한다: (1) 당, 예컨대 락토스, 글루코스 및 수크로스; (2) 전분, 예컨대 옥수수 전분 및 감자 전분; (3) 셀룰로스, 및 그의 유도체, 예컨대 나트륨 카르복시메틸 셀룰로스, 메틸셀룰로스, 에틸 셀룰로스, 미세결정질 셀룰로스 및 셀룰로스 아세테이트; (4) 분말화된 트라가탄트; (5) 맥아; (6) 젤라틴; (7) 윤활제, 예컨대 마그네슘 스테아레이트, 나트륨 라우릴 술포이트 및 활석; (8) 부형제, 예컨대 코코아 버터 및 좌제 왁스; (9) 오일, 예컨대 땅콩 오일, 면실 오일, 홍화씨 오일, 참깨 오일, 올리브 오일, 옥수수 오일 및 대두 오일; (10) 글리콜, 예컨대 프로필렌 글리콜; (11) 폴리올, 예컨대 글리세린, 소르비톨, 만니톨 및 폴리에틸렌 글리콜 (PEG); (12) 에스테르, 예컨대 에틸 올레이트 및 에틸 라우레이트; (13) 한천; (14) 완충제, 예컨대 마그네슘 히드록시드 및 알루미늄 히드록시드; (15) 알긴산; (16) 발열원이 없는 물; (17) 등장성 염수; (18) 링거 용액; (19) 에틸 알콜; (20) pH 완충 용액; (21) 폴리에스테르, 폴리카르보네이트 및/또는 다가무수물; (22) 벌크화제, 예컨대 폴리펩티드 및 아미노산, (23) 혈청 구성성분, 예컨대 혈청 알부민, HDL 및 LDL; 및 (22) C2-C12 알콜, 예컨대 에탄올; 및 (23) 제약 제형에서 이용되는 다른 비-독성 혼화성 물질. 습윤제, 착색제, 방출제, 코팅제, 감미제, 향미제, 퍼프제, 보존제 및 항산화제가 또한 제제에 존재할 수 있다. 용어 예컨대 "부형제", "담체", "제약상 허용되는 담체" 등은

본원에서 상호교환가능하게 사용된다.

[0257] 사용 방법

[0258] 본 개시내용의 다른 측면은 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터를 세포 내로 전달시켜 완전 및 기능적 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 형성하는 방법을 제공한다. 예를 들어, 일부 실시양태에서, 세포는 본원에 기재된 조성물 (예를 들어, 스플릿 Cas9 또는 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이러한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 핵산 벡터를 함유하는 AAV 입자를 포함하는 조성물)과 접촉된다. 일부 실시양태에서, 접촉시키는 것은 이러한 뉴클레오타이드 서열의 세포 내로의 전달을 초래하며, 여기서 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 N-말단 부분 및 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 C-말단 부분은 세포 내에서 발현되고 연합되어 완전 Cas9 단백질 또는 완전 핵염기 에디터를 형성한다.

[0259] 본원에 기재된 방법을 사용하여 전달되는 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터는 바람직하게는 원래 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터 (즉, 세포에 전달되거나 또는 전체적으로 세포 내에서 발현되는 비-스플릿 단백질)와 비교 시 필적할만한 활성을 갖는다. 예를 들어, 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터는 원래 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 활성의 적어도 50% (예를 들어, 적어도 50%, 적어도 60%, 적어도 70%, 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 100%)를 보유한다. 일부 실시양태에서, 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터는 원래 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터의 것보다 더 활성이다 (예를 들어, 2배, 5배, 10배, 100배, 1000배, 또는 그 초과).

[0260] 본원에 기재된 조성물은 대상체가 앓고 있는 질환 또는 장애를 치료 및/또는 예방하기 위한 치료 유효량으로 그를 필요로 하는 대상체에게 투여될 수 있다. CRISPR/Cas9-기반 게놈-에디팅 기술을 사용하여 치료 및/또는 예방될 수 있는 임의의 질환 또는 장애는 본원에 기재된 스플릿 Cas9 단백질 또는 스플릿 핵염기 에디터에 의해 치료될 수 있다. 스플릿 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열이 gRNA를 추가로 코딩하지 않는 경우에, gRNA를 코딩하는 별개의 핵산 벡터가 본원에 기재된 조성물과 함께 투여될 수 있는 것으로 이해되어야 한다.

[0261] 예시적인 적합한 질환 및 장애는, 비제한적으로, 하기를 포함한다: [[하기 질환은 C에서 T로의 에디터 적용에 포함되었다. 여전히 관련성이 있고 아데노신 데아미나제를 사용하여 치료될 수 있는 임의의 것을 나타낸다.]] 낭성 섬유증 (예를 들어, 하기 참조: 문헌 [Schwank *et al.*, Functional repair of CFTR by CRISPR/Cas9 in intestinal stem cell organoids of cystic fibrosis patients. *Cell stem cell*. **2013**; 13: 653-658; 및 Wu *et al.*, Correction of a genetic disease in mouse via use of CRISPR-Cas9. *Cell stem cell*. **2013**; 13: 659-662], 이들 중 어떤 것도 유전적 결함을 보정하기 위해 데아미나제 융합 단백질을 사용하지 않음); 페닐케톤뇨 - 예를 들어, 페닐알라닌 히드록실라제 유전자 내 위치 835 (마우스) 또는 240 (인간) 또는 상동 잔기에서의 페닐알라닌의 세린으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [McDonald *et al.*, *Genomics*. **1997**; 39:402-405] 참조; 버나드-솔리에 증후군 (BSS) - 예를 들어, 위치 55 또는 상동 잔기에서의 페닐알라닌의 세린으로의 돌연변이, 또는 혈소판 막 당단백질 IX 내 잔기 24 또는 상동 잔기에서의 시스테인의 아르기닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Noris *et al.*, *British Journal of Haematology*. **1997**; 97: 312-320, 및 Ali *et al.*, *Hematol.* **2014**; 93: 381-384] 참조; 표피박리 과다각화증 (EHK) - 예를 들어, 케라틴 1 내 위치 160 또는 161 (개시체 메티오닌을 카운팅하는 경우에) 또는 상동 잔기에서의 류신의 프롤린으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Chipev *et al.*, *Cell*. **1992**; 70: 821-828] 참조, 또한 [www\[dot\]uniprot\[dot\]org](http://www[dot]uniprot[dot]org)에서의 유니프روت 데이터베이스 내 수탁 번호 P04264 참조; 만성 폐쇄성 폐 질환 (COPD) - 예를 들어, α_1 -항트립신의 프로세싱된 형태 내 위치 54 또는 55 (개시체 메티오닌을 카운팅하는 경우에) 또는 상동 잔기 또는 비프로세싱된 형태 내 잔기 78 또는 상동 잔기에서의 류신의 프롤린으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Poller *et al.*, *Genomics*. **1993**; 17: 740-743] 참조, 또한 유니프روت 데이터베이스 내 수탁 번호 P01011 참조; 샤르코-마리-투스병 유형 4J - 예를 들어, FIG4 내 위치 41 또는 상동 잔기에서의 이소류신의 트레오닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Lenk *et al.*, *PLoS Genetics*. **2011**; 7: e1002104] 참조; 신경모세포종 (NB) - 예를 들어, 카스파제-9 내 위치 197 또는 상동 잔기에서의 류신의 프롤린으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Kundu *et al.*, *3 Biotech*. **2013**, **3**:225-234] 참조; 폰 빌레브란트병 (vWD) - 예를 들어, 폰 빌레브란트 인자의 프로세싱된 형태 내 위치 509 또는 상동 잔기에서의, 또는 폰 빌레브란트 인자의 비프로세싱된 형태 내 위치 1272 또는 상동 잔기에서의 시스테인의 아르기닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Laverne *et al.*, *Br. J. Haematol.* **1992**; 82: 66-72] 참조, 또한 유니프روت 데이터베이스 내 수탁 번호 P04275 참조; 선천성 근긴장증 - 예를 들어, 근육

클로라이드 채널 유전자 CLCN1 내 위치 277 또는 상동 잔기에서의 시스테인의 아르기닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Weinberger *et al.*, *The J. of Physiology*. **2012**; 590: 3449-3464] 참조; 유전성 신장 아밀로이드증 - 예를 들어, 아포지단백질 AII의 프로세싱된 형태 내 위치 78 또는 상동 잔기에서의 또는 비프로세싱된 형태 내 위치 101 또는 상동 잔기에서의 정지 코돈의 아르기닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Yazaki *et al.*, *Kidney Int.* **2003**; 64: 11-16] 참조; 확장성 심근병증 (DCM) - 예를 들어, FOXD4 유전자 내 위치 148 또는 상동 잔기에서의 트립토판의 아르기닌으로의 돌연변이 (T>C 돌연변이), 예를 들어, 문헌 [Minorette *et al.*, *Int. J. of Mol. Med.* **2007**; 19: 369-372] 참조; 유전성 림프부종 - 예를 들어, VEGFR3 티로신 키나제 내 위치 1035 또는 상동 잔기에서의 히스티딘의 아르기닌으로의 돌연변이 (A>G 돌연변이), 예를 들어, 문헌 [Irrthum *et al.*, *Am. J. Hum. Genet.* **2000**; 67: 295-301] 참조; 가족성 알츠하이머병 - 예를 들어, 프레세닐린1 내 위치 143 또는 상동 잔기에서의 이소류신의 발린으로의 돌연변이 (A>G 돌연변이), 예를 들어, 문헌 [Gallo *et al.*, *J. Alzheimer's disease*. **2011**; 25: 425-431] 참조; 프리온병 - 예를 들어, 프리온 단백질 내 위치 129 또는 상동 잔기에서의 메티오닌의 발린으로의 돌연변이 (A>G 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Lewis *et al.*, *J. of General Virology*. **2006**; 87: 2443-2449] 참조; 만성 영아 신경계 피부 관절 증후군 (CINCA) - 예를 들어, 크리오피린 내 위치 570 또는 상동 잔기에서의 티로신의 시스테인으로의 돌연변이 (A>G 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Fujisawa *et al.* *Blood*. **2007**; 109: 2903-2911]; 및 데스민-관련 근병증 (DRM) - 예를 들어, α β 크리스탈린 내 위치 120 및 상동 잔기에서의 아르기닌의 글리신으로의 돌연변이 (A>G 돌연변이) - 예를 들어, 문헌 [Kumar *et al.*, *J. Biol. Chem.* **1999**; 274: 24137-24141] 참조. 모든 참고문헌 및 데이터베이스 엔트리의 전체 내용은 본원에 참조로 포함된다.

[0262] 통증 억제제를 위한 조성물을 투여하는 적합한 경로는, 비제한적으로 국소, 피하, 경피, 피내, 병변내, 관절내, 복강내, 방광내, 경점막, 치은, 치아내, 안구내, 경고실, 기관내, 경막외, 척수강내, 근육내, 정맥내, 혈관내, 골내, 안구주위, 종양내, 뇌내, 비경구, 및 뇌실내 투여를 포함한다.

[0263] 본 개시내용의 조성물은, 예를 들어, 단위 용량으로서 투여 또는 패키징될 수 있다. 용어 "단위 용량"은 본 개시내용의 제약 조성물과 관련하여 사용되는 경우에 대상체에 대한 단일 투여량으로서 적합한 물리적 이산 단위를 지칭하며, 각각의 단위는 요구되는 희석제, 즉, 담체 또는 비히클과 함께 목적하는 치료 효과를 생성하도록 계산된 미리 결정된 양의 활성 물질을 함유한다.

[0264] 질환 또는 장애의 치료는 질환의 발생 또는 진행을 지연시키거나, 또는 질환 증증도를 감소시키는 것을 포함한다. 질환을 치료하는 것은 치유적 결과를 반드시 요구하지 않는다.

[0265] 본원에 사용된 바와 같이, 질환의 발생을 "지연시키는 것"은 질환의 진행을 연기, 방해, 감속, 지연, 안정화, 및/또는 늦추는 것을 의미한다. 이러한 지연은 치료될 질환 및/또는 개체의 병력에 따라 시간 길이가 다양할 수 있다. 질환의 발생을 "지연" 또는 경감시키거나, 또는 질환의 발병을 지연시키는 방법은, 이러한 방법을 사용하지 않은 경우와 비교 시, 주어진 시간 프레임에서 질환의 하나 이상의 증상이 발생할 확률을 감소시키고/거나 주어진 시간 프레임에서 증상의 정도를 감소시키는 방법이다. 이러한 비교는, 통계적으로 유의한 결과를 제공하는데 충분한 다수의 대상체를 사용하여, 전형적으로 임상 연구를 기반으로 한다.

[0266] 질환의 "발생" 또는 "진행"은 질환의 초기 징후 및/또는 그 후의 진행을 의미한다. 질환의 발생은 관련 기술분야에 널리 알려진 표준 임상 기술을 사용하여 검출가능하고 평가될 수 있다. 그러나, 발생은 또한 검출불가능할 수 있는 진행을 지칭한다. 본 개시내용의 목적상, 발생 또는 진행은 증상의 생물학적 프로세스를 지칭한다. "발생"은 출현, 재발, 및 발병을 포함한다.

[0267] 본원에 사용된 바와 같은 질환의 "발병" 또는 "출현"은 초기 발병 및/또는 재발을 포함한다. 의학 분야의 통상의 기술자에게 알려진 통상적인 방법을 사용하여, 치료될 질환의 유형 또는 질환의 부위에 따라, 단리된 폴리펩티드 또는 제약 조성물을 대상체에게 투여할 수 있다.

[0268] 키트

[0269] 본 개시내용의 조성물은 키트로 어셈블리될 수 있다. 일부 실시양태에서, 키트는 본원에 기재된 핵염기 에디터의 발현을 위한 핵산 벡터를 포함한다. 일부 실시양태에서, 키트는 목적하는 표적 서열에 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 표적화하기 위해, 적절한 가이드 뉴클레오타이드 서열 (예를 들어, gRNA) 또는 이러한 가이드 뉴클레오타이드 서열의 발현을 위한 핵산 벡터를 추가로 포함한다.

[0270] 본원에 기재된 키트는 본원에 기재된 방법을 수행하기 위한 하나 이상의 용기 하우징 구성성분 및 임의적으로 사용에 대한 지침서를 포함할 수 있다. 본원에 기재된 임의의 키트는 검정 방법을 수행하기 위해 필요한 구성

성분을 추가로 포함할 수 있다. 키트의 각각의 구성성분은, 적용가능한 경우에, 액체 형태 (예를 들어, 용액) 로 또는 고체 형태 (예를 들어, 건조 분말)로 제공될 수 있다. 특정 경우에, 구성성분 중 일부는, 예를 들어, 키트와 함께 제공될 수 있거나 또는 제공될 수 없는 적합한 용매 또는 다른 중 (예를 들어, 물)의 첨가에 의해 (예를 들어, 활성 형태로) 구성가능할 수 있거나 또는 달리 가공가능할 수 있다.

[0271] 일부 실시양태에서, 키트는 임의적으로 제공된 구성성분의 사용에 대한 지침서 및/또는 홍보를 포함할 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, "지침서"는 지침 및/또는 홍보의 구성성분을 정의할 수 있고, 전형적으로 본 개시 내용의 패키징에 대한 또는 그와 연관된 서면 지침서를 수반할 수 있다. 지침서는 또한 상기 지침서가 키트와 연관되어야 하는 것임을 사용자가 명확하게 인식하도록 하는 임의의 방식으로, 예를 들어, 시청각 자료 (예를 들어, 비디오테이프, DVD 등), 인터넷, 및/또는 웹-기반 정보통신 등으로 제공된 임의의 구두 또는 전자 지침서를 포함할 수 있다. 서면 지침서는 제약학적 또는 생물학적 제품의 제조, 사용, 또는 판매를 규제하는 정부 기관에 의해 규정된 형태일 수 있으며, 이는 또한 동물 투여를 위한 제조, 사용 또는 판매에 대한 정부 기관의 승인을 반영할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같이, "홍보된"은 본 개시내용과 연관된, 교육, 병원 및 다른 임상적 지침, 과학적 탐구, 신약 발견 및 개발, 학술 연구, 제약 판매를 포함한 제약 산업 활동, 및 임의의 형태의 서면, 구두 및 전자적 소통을 포함한 임의의 광고 또는 다른 홍보 활동의 방법을 포함한 영업을 수행하는 모든 방법을 포함한다. 추가적으로, 키트는 본원에 기재된 바와 같은 구체적 적용에 따라 다른 구성성분을 포함할 수 있다.

[0272] 키트는 하나 이상의 용기 내에 본원에 기재된 구성성분 중 임의의 하나 이상을 함유할 수 있다. 구성성분은 멸균적으로 제조되고, 시린지에 패키징되고 냉장 운송될 수 있다. 대안적으로 이는 바이알 또는 저장을 위한 다른 용기 내에 하우징될 수 있다. 제2 용기는 멸균적으로 제조된 다른 구성성분을 가질 수 있다. 대안적으로 키트는 시린지, 바이알, 튜브, 또는 다른 용기 내에서 미리 혼합되고 운송되는 활성 작용제를 포함할 수 있다.

[0273] 키트는 파우치, 하나 이상의 튜브, 용기, 박스 또는 백 내에 혈겁게 패키징된 부속물과 함께, 블리스터 파우치, 수축 랩핑된 파우치, 진공 밀봉가능한 파우치, 밀봉가능한 열성형된 트레이, 또는 유사한 파우치 또는 트레이 형태와 같은 다양한 형태를 가질 수 있다. 키트는 부속물이 첨가된 후에 멸균될 수 있으며, 그에 의해 용기 내의 개별 부속물이 달리 비랩핑되도록 허용한다. 키트는 임의의 적절한 멸균 기술, 예컨대 방사선 멸균, 열 멸균, 또는 관련 기술분야에 알려진 다른 멸균 방법을 사용하여 멸균될 수 있다. 키트는 또한, 구체적 적용에 따라, 다른 구성성분, 예를 들어, 용기, 세포 배지, 염, 완충제, 시약, 주사기, 바늘, 소독제를 적용 또는 제거하기 위한 직물, 예컨대 거즈, 일회용 장갑, 투여 전의 작용제를 위한 지지체 등을 포함할 수 있다.

[0274] 숙주 세포

[0275] 본원에 기재된 임의의 조성물을 함유할 수 있는 세포는 원핵 세포 및 진핵 세포를 포함한다. 본원에 기재된 방법은 Cas9 단백질 또는 핵염기 에디터를 진핵 세포 (예를 들어, 포유동물 세포, 예컨대 인간 세포) 내로 전달하는데 사용된다. 일부 실시양태에서, 세포는 시험관내의 것 (예를 들어, 배양된 세포)이다. 일부 실시양태에서, 세포는 생체내의 것 (예를 들어, 인간 대상체와 같은 대상체 내의 것)이다. 일부 실시양태에서, 세포는 생체외의 것 (예를 들어, 대상체로부터 분리되고 동일한 또는 상이한 대상체에게 다시 투여될 수 있는 것)이다.

[0276] 본 개시내용의 포유동물 세포는 인간 세포, 영장류 세포 (예를 들어, 배로 세포), 래트 세포 (예를 들어, GH3 세포, OC23 세포) 또는 마우스 세포 (예를 들어, MC3T3 세포)를 포함한다. 비제한적으로, 인간 배아 신장 (HEK) 세포, HeLa 세포, 국립 암 연구소(National Cancer Institute)의 60 암 세포주 (NCI60)로부터의 암 세포, DU145 (전립선암) 세포, Lncap (전립선암) 세포, MCF-7 (유방암) 세포, MDA-MB-438 (유방암) 세포, PC3 (전립선암) 세포, T47D (유방암) 세포, THP-1 (급성 골수성 백혈병) 세포, U87 (교모세포종) 세포, SHSY5Y 인간 신경모세포종 세포 (골수종으로부터 클로닝됨) 및 Saos-2 (골암) 세포를 포함한 다양한 인간 세포주가 있다. 일부 실시양태에서, rAAV 벡터는 인간 배아 신장 (HEK) 세포 (예를 들어, HEK 293 또는 HEK 293T 세포) 내로 전달된다. 일부 실시양태에서, rAAV 벡터는 줄기 세포 (예를 들어, 인간 줄기 세포) 예컨대, 예를 들어, 만능 줄기 세포 (예를 들어, 인간 유도된 만능 줄기 세포 (hiPSC)를 포함한 인간 만능 줄기 세포) 내로 전달된다. 줄기 세포는 배양 시 무한 기간 동안 분열하고 특화된 세포를 야기하는 능력을 갖는 세포를 지칭한다. 만능 줄기 세포는 유기체의 모든 조직으로 분화할 수 있지만, 단독으로는 완전 유기체 발생을 지속할 수 없는 줄기 세포의 유형을 지칭한다. 인간 유도된 만능 줄기 세포는 배아 줄기 세포의 정의적 특성을 유지하는데 중요한 유전자 및 인자를 발현하도록 강요됨으로써 배아 줄기 세포-유사 상태로 재프로그래밍된 체세포 (예를 들어, 성숙 또는 성체)를 지칭한다 (예를 들어, 본원에 참조로 포함된 문헌 [Takahashi and Yamanaka, *Cell* 126 (4): 663-76,

2006] 참조). 인간 유도된 만능 줄기 세포 세포(들)는 줄기 세포 마커를 발현하고, 모든 3개의 배엽층(외배엽, 내배엽, 중배엽)의 세포 특징을 생성할 수 있다.

[0277] 본 개시내용에 따라 사용될 수 있는 세포주의 추가적인 비제한적 예는 293-T, 293-T, 3T3, 4T1, 721, 9L, A-549, A172, A20, A253, A2780, A2780ADR, A2780cis, A431, ALC, B16, B35, BCP-1, BEAS-2B, bEnd.3, BHK-21, BR 293, BxPC3, C2C12, C3H-10T1/2, C6, C6/36, Cal-27, CGR8, CHO, CML T1, CMT, COR-L23, COR-L23/5010, COR-L23/CPR, COR-L23/R23, COS-7, COV-434, CT26, D17, DH82, DU145, DuCaP, E14Tg2a, EL4, EM2, EM3, EMT6/AR1, EMT6/AR10.0, FM3, H1299, H69, HB54, HB55, HCA2, Hepa1c1c7, 하이 파이프 세포, HL-60, HMEC, HT-29, HUVEC, J558L 세포, Jurkat, JY 세포, K562 세포, KCL22, KG1, Ku812, KY01, LNCap, Ma-Mel 1, 2, 3...48, MC-38, MCF-10A, MCF-7, MDA-MB-231, MDA-MB-435, MDA-MB-468, MDCK II, MG63, MONO-MAC 6, MOR/O.2R, MRC5, MTD-1A, MyEnd, NALM-1, NCI-H69/CPR, NCI-H69/LX10, NCI-H69/LX20, NCI-H69/LX4, NIH-3T3, NW-145, OPCN/OPCT Peer, PNT-1A/PNT 2, PTK2, Raji, RBL 세포, RenCa, RIN-5F, RMA/RMAS, S2, Saos-2 세포, Sf21, Sf9, SiHa, SKBR3, SKOV-3, T-47D, T2, T84, THP1, U373, U87, U937, VCaP, WM39, WT-49, X63, YAC-1 및 YAR 세포를 포함한다.

[0278] 추가의 상세설명 없이, 관련 기술분야의 통상의 기술자는, 상기 설명을 기반으로 하여, 본 개시내용을 최대한 활용할 수 있는 것으로 여겨진다. 따라서, 하기 구체적 실시양태는 단지 예시적이며, 어떠한 방식으로든 나머지의 본 개시내용을 제한하지 않는 것으로 해석되어야 한다. 본원에 인용된 모든 간행물은 본원에 지칭된 목적 또는 대상에 대한 참조로 포함된다.

[0279] 실시예

[0280] 본원에 기재된 본 발명이 더 완전히 이해될 수 있도록 하기 위해, 하기 실시예가 제시된다. 본 출원에 기재된 합성 실시예는 본원에 제공된 화합물 및 방법을 예시하기 위해 제공되며, 어떠한 방식으로든 그의 범주를 제한하는 것으로 해석되어서는 안 된다.

[0281] 실시예 1: Cas9 단백질 및 핵염기 에디터의 아미노산 서열

[0282] 적합한 Cas9 단백질 및 변이체, 및 핵염기 에디터 및 변이체의 비제한적 예가 제공된다. 본 개시내용은 Cas9 변이체, 예를 들어, (예를 들어, dCas9 또는 Cas9 니카제를 생성하기 위한) 하나 이상의 돌연변이를 포함할 수 있는 하나 이상의 유기체로부터의 Cas9 단백질을 제공한다. 일부 실시양태에서, 하기 별표에 의해 확인되는, Cas9 단백질의 아미노산 잔기 중 하나 이상이 돌연변이될 수 있다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 D10 및/또는 H840 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 돌연변이가 돌연변이된다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 D10 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 돌연변이는, D를 제외한 임의의 아미노산 잔기로 돌연변이된다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 D10 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 돌연변이는 A로 돌연변이된다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 H840 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 잔기는 H이다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 H840 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 돌연변이는, H를 제외한 임의의 아미노산 잔기로 돌연변이된다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 H840 잔기, 또는 서열식별번호: 2-275 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 돌연변이는 A로 돌연변이된다. 일부 실시양태에서, 서열식별번호: 1에 제공된 아미노산 서열의 D10 잔기, 또는 서열식별번호: 15 및 394-397에 제공된 임의의 아미노산 서열에서의 상응하는 잔기는 D이다.

[0283] 서열식별번호: 1의 D10 및 H840의 상응하는 상동 아미노산 잔기를 다른 Cas9 단백질에서 확인하여, 상동 아미노산 잔기의 상응하는 돌연변이들을 갖는 Cas9 변이체의 생성을 허용할 수 있는지 여부를 결정하기 위해 다양한 종으로부터의 다수의 Cas9 서열을 정렬하였다. 정렬은 NCBI 제약-기반 다중 정렬 도구 (COBALT (st-va.ncbi.nlm.nih.gov/tools/cobalt에서 접근가능함))를 사용하여 하기 파라미터로 수행하였다. 정렬 파라미터: 갭 페널티 -11,-1; 엔드-갭 페널티 -5,-1. CDD 파라미터: RPS BLAST 사용: 온; Blast E-값 0.003; 보존된 칼럼 검색 및 리컴퓨터: 온. 쿼리 클러스터링 파라미터: 쿼리 클러스터 사용: 온; 워드 크기 4; 최대 클러스터 거리 0.8; 알파벳 레귤라.

에스. 피오게네스 Cas9 야생형 (NCBI 참조 서열: NC_002737.2, 유니프룻 참조 서열:

Q99ZW2)

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV
DSTDKADLRLLIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTYNQLFEENPINASGVDAKILSAR
LSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQY
ADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYF
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGALIK
KYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQIEGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRML
ASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYLASHYEKLKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQSI TGLYETRI
DLSQLGGD (SEQ ID NO: 1)

에스. 피오게네스 dCas9 (D10A 및 H840A)

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV
DSTDKADLRLLIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTYNQLFEENPINASGVDAKILSAR
LSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQY
ADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYF
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGALIK
KYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQIEGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRML
ASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYLASHYEKLKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQSI TGLYETRI
DLSQLGGD (SEQ ID NO: 2)

에스. 피오게네스 Cas9 니카제 (D10A)

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV

[0284]

DSTDKADRLRIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSAR
LSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQY
ADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYF
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSLLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGALIK
KYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRML
ASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRI
DLSQLGGD (SEQ ID NO: 3)

VRER-nCas9 (D10A/D1135V/G1218R/R1335E/T1337R) 에스. 피오게네스 Cas9 니카제

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAHYEYPTIYHLRKKLV
DSTDKADRLRIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSAR
LSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQY
ADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYF
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSLLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGALIK
KYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRML
ASARELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKEYRSTKEVLDTLIHQSTGLYETRI
DLSQLGGD (SEQ ID NO: 4)

VQR-nCas9 (D10A/D1135V/R1335Q/T1337R) 에스. 피오게네스 Cas9 니카제

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAHYEYPTIYHLRKKLV
DSTDKADRLRIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSAR
LSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQY
ADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYF
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG

[0285]

DSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSLSVDFRKFDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTA
LIK KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRML
ASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSIITGLYETR
IDLSQLGGD (SEQ ID NO: 5)

EQR-nCas9 (D10A/D1135E/R1335Q/T1337R) 에스. 피오게네스 Cas9 니카제

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPKSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV
DSTDKADRLRIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFLQVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSAR
LSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKNFIDLAEADAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQY
ADFLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNG
YAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY
FLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLP
NEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMKPAFLSGEQKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIE
CFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTTLFEDREMIEERLKYAHLFDDK
VMKQLKRRRYTGWRGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVLTR
SDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITK
HVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSLSVDFRKFDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTA
LIK KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEI
VWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYS
VLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRML
ASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADAN
LDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSIITGLYETR
IDLSQLGGD (SEQ ID NO: 6)

KKH-nCas9 (D10A/E782K/N968K/R1015H) 에스. 아우레우스 Cas9 니카제

MKRNILGLAIGTSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLRKRRRRHRIQVRKLLF
DYNLLTDHSELGINPYEARVKGSLSQKLEEEFSAALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSK
ALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTSYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEG
PGEGPSFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYEYKFQII
ENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIEAELLDDQIAKILTY
QSSEDIQEELTNLSELTEQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVKKVDLSQ
QKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEE
IIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLNNPFNYEVDHIIIPRSVSFDSNFNNKVLVKQEE
SKKGNRTPFYLLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNLVDTRYAT
RGLMNLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKERNKGYKHAEDALIIANADFIFKEWKKLDK
AKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQEYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKD
DKGNTLIVNNLNGLYDKDNDKLLKLINKSPEKLLMYHHPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPLYKYEETGN
YLTYSKDKDNGPVIKKIKYYGNKLNALHLDITDDYPNSRNKVVKLKPYRFDVYLDNGVYKFTVKNLD
VIKENYYEVNSKCYEEAKLLKISNQAEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNDDLNRIEVNMIDITYREYL
ENMNDKRPPHIIKTASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG (SEQ ID NO: 7)

[0286]

스트렙토코쿠스 써모필루스 CRISPR1 Cas9 (St1Cas9) 니카제 (D9A)

MSDLVLGLAIGIGSVGVGILNKVTEGIIHKNSRIFPAAQAENNLVVRTNRQGRRLTRRKKHRRVRLNRLFEE
SGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFIALKNMVKHRGISYLDASDDGNSSIGDYAQIVKENSQ
LETKTPGQIQLERYQTYGQLRGDFTVKDGKKHRLINVFP TSA YRSEALRILQTQQEFNPQITDEFINRYLEI
LTGKRKYHYHGPNGESRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEFRAAKASYTAQEFNLLNDLNLTV
PTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAKLFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLE
TLDIEQMDRETLDKLAYVLTNTEREGIQEAELEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGWHNFSVKL
MMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIYNPVVAKSVRQAIIKIVNAAIKEYGDFD
NIVEMARETNEDDEKKAIOKIQKANKDEKDAAMLKAAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQOG
ERCLYTGTGTISIHLNNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQALDSMDDAWSFRE
LKA FVRESKTL SNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLVDTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRG
QFTSQLRRHWGIEKTRDTYHHHAVALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVF
KAPYQHFDVTLKSKFEFDSILFSYQVDSKFNKISDATTYATRQAKVGKDKADETYVLGKIKDIYTQDG YD
AFMKIYKDKSKFLMYRHPQTFEKEVIEPILENYPNKQINEKGKEVPCNPFLKYEEHGYIRKYSKKGNP
EIKSLKY YDSKLG NHIDITPKDSNNKVV LQSVSPWRADVYFNKTTGKYELGLKYADLQFEKGTGT YKISQ
EKYNDIKKKEGVSDSEFKFTLYKNDLLL VKDTETKEQQLFRFLSRTMPKQKHVELKPYDKQKFEGGEA
LIKVLGNVANSGQCKKGLGKSNISYKVRTDVLGNQHIKNEGDKPKLDF (SEQ ID NO: 8)

스트렙토코쿠스 써모필루스 CRISPR3Cas9 (St3Cas9) 니카제 (D10A)

MTKPYSIGLAIGTNSVGWAVITDNYKVP SKKMKVLGNTSKKYIKKNLLGVLLFD SGITAEGRRLKRTARRR
YTRRRNRILYLQEIFSTEMATLDDAFFQRLDD SFLVPDDKRD SKYPIFGNLVEEKVYHDEFPTIYHLRKYLA
DSTKKADLRLVYLALAHMIKYRGHFLIEGEFNSKNNDIQKNFQDFLDTYNAIFESDLSLENSKQLEEVKDK
ISKLEKKDRILKLPGEKNSGIFSEFLKLVGNQADFRKCFNLDEKASLHFSKESYDEDETLTLLGYIGDDYSD
VFLKAKKLYDAILSGFLTVDNETEAPLSSAMIKRYNEHKEDLALLKEYIRNISLKTYNVFKDDTKNGY
AGYIDGKTNQEDFYVYLKNLLAEFEGADYFLEKIDREDFLRKQRTFDNGSIPYQIHLQEMRAILDKQAKFY
PFLAKNKERIEKILTFRIPIYVGLPARGNSDFAWSIRKRNEKITPWNFEDVIDKESSAEAFINRMTSFDLYLPE
EKVLPKHSLLYETFNVYNELTKVRFIAESMRDYQFLDSKQKDDIVRLYFKDKRKVTDKDIIEYLHAIYGYD
GIELKGIEKQFNSSLSTYHDLLNIINDKEFLDDSSNEAIEEIIHTLTIFEDREMIKQRLSKFENIFDKSVLKKLS
RRHYTGWGKLSAKLINGIRDEKSGNTILDYLI DDGISNRNFMQLIHDDALSFKKKIQAQIIGDEDKGNIEV
VRSPLGPSAIIKKGILQSIKIVDELVKVMGGRKPESIVVEMARENQYTNQKGSNSQQLKRLKLEKSLKELGSKI
LKENIPAKLSKIDNNALQNDRLYLYYLQNGKDMYTGD DLDIDRLSNYDIDHIIPQAFKDN SIDNKVLVSSA
SNRGKSDDFPSLEVVKRRKTFWYQLL SKLISQRKFDNLTKAERGGLLPEDKAGFIQRQLVETROITKHVA
RLLDKFNKKDENNRVAVRTVKIITLSTLVSQFRKDFELYK VREINDFHHADAYLNAVIASALLKKYPK
LEPEFVYGDYPKYN SFRERKSATEKVYFYSNMNIFKKSISLADGRVIERPLIEVNEETGESVWNKESDLATV
RRVLSYPQVNVVKKVEEQNHGLDRGPKGLFNANLSSKPKPNSNENLVGAKEYLDPKKYGGYAGISNSFA
VLVKGTEKGAKKKITNVLEFQGISILDRINYRKDKLNFLEKGYKDIELIELPKYSLFELSDGSRRMLASILS
TNNKRGEIHKGNQIFLSQKFVKLLYHAKRISNTINENHRKYVENHKKFEELFYI LEFNENYVGA KKNKG
LLNSAFQSWQNHSIDELCSSFIGPTGSEKRGFLFELTSRGSAADEFELGVKIPRYRDYTPSSLLKDATLIHQSVT
GLYETRIDLAKLGEG (SEQ ID NO: 9)

에스. 아우레우스 Cas9 야생형

MKNRYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKRRRRHRIQRVKKLLF
DYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLS EEEFSAALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSK
ALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTS DYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQS FIDTYIDLLETRRTY YEG
PGEGPSFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNLVITRDENEKLEYEYEFQII
ENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIEAELL DQIAKILTIY
QSSEDIQEELTNL NSELTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKA INLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVDLSQ
QKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEE
IIRTGTGENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNPNFYEV DHIIPRSVSFDNSFNKVLVKQEN
SKKGNRTPFYQLSSSDSKISYETFKKHILNLA KGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRLVDTRYAT
RGLMNLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKGYKHAEDALIIANADFIFKEWKKLDK

[0287]

AKKVMENQMFEEKQAESMPETEQEYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKNRELINDTLYSTRKDD
KGNTLIVNNLNGLYDKDNDKLLKLINKSPEKLLMYHHDPOQTYQKLKLIMEQYQDEKNPLYKYEEETGNY
LTKYSKKDNGPVIKKIKYGNKLNLAHLDITDDYPNSRNKVVKLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVI
KKENYEEVNSKCYEEAKKLLKISNQAEFIASFYNNDLIKINGELRYRIGVNNDDLNRIEVNMIDITYREYLE
NMNDKRPPRIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG (SEQ ID NO: 10)

에스. 아우레우스 Cas9 니카제 (D10A)

MKRNYILGLAIGTISVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKRHHRIQRVKLLF
DYNLLTDHSELGINPYEARVKGSLSQLSEEFSAALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSK
ALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTSYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYEG
PGEPSFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYEYEFQII
ENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIENAEELDQIAKILTY
QSSEDIQEELTNLSELTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVKKVDLSQ
QKEIPTLLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEE
IIRTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLNNPFPNVEVDHIIIPRSVSFDNSFNKVLVKQEN
SKKGNRTFPQYSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKEYLLEERDINRFVQKDFINRNLVDTRYAT
RGLMNLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWFKKERNKGKHHAEALIIANADFIKWKKLDK
AKKVMENQMFEEKQAESMPETEQEYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKNRELINDTLYSTRKDD
KGNTLIVNNLNGLYDKDNDKLLKLINKSPEKLLMYHHDPOQTYQKLKLIMEQYQDEKNPLYKYEEETGNY
LTKYSKKDNGPVIKKIKYGNKLNLAHLDITDDYPNSRNKVVKLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVI
KKENYEEVNSKCYEEAKKLLKISNQAEFIASFYNNDLIKINGELRYRIGVNNDDLNRIEVNMIDITYREYLE
NMNDKRPPRIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG (SEQ ID NO: 11)

스트랩토코쿠스 써모필루스 야생형 CRISPR3 Cas9 (St3Cas9)

MTKPYSIGLDIGTNSVGWAVITDNYKVPSSKMKVLGNTSKKYIKKNLLGVLLFDSGITAEGRRRLKRTARRR
YTRRRNRILYLQEIFSTEMATLDDAFFQRLDDSLVPDDKRD SKYPIFGNLVEEKVYHDEFPTIYHLRKYLA
DSTKKADRLRVYALAHMIKYRGHFLIEGFNSKNNDIQNFQDFLDTYNAIFESDLSLENSKQLEEIVKDK
ISKLEKKDRILKLPGEKNSGIFSEFLKLVGNQADFRKCFNLDEKASLHFSKESYDEDETLTLLGYIGDDYSD
VFLKAKKLYDAILLSGFLTVDNETEAPLSSAMIKRYNEHKEDLALLKEYIRNLSKTYNEVFKDDTKNGY
AGYIDGKTNQEDFYVYLNLLAEFEGADYFLEKIDREDFLRKQRTFDNGSIPYQIHLQEMRAILDKQAKFY
PFLAKNKERIEKILTFRIPIYVGPLARGNSDFAWSIRKRNEKITPWNFEDVIDKESSAEAFINRMTSFDLYLPE
EKVLPKHSLLYETFNVNELTKVRFIAESMRDQYFLDSKQKKDIVRLYFKDKRKVTDKDIIEYLHAIYGYD
GIELKGIEKQFNSSLSTYHDLNIIINDKEFLDSSNEAIIIEIIHTLTIFEDREMIKQRLSKFENIFDKSVLKCLS
RRHYTGWGLS AKLINGIRDEKSGNTILDYLDIDGISNRNFMQLIHDDALSFKKKIQKAQIIGDEDKGNIKEV
VKSPLGSPAIIKKGILQSIKIVDELVKVMGGRKPESIVVEMARENQYTNQGSNSQQLRLEKSLKELGSKI
LKENIPAKLSKIDNNALQNDRLYLYLQNGKDMYTGDLDIDRLSNYDIDHIIPQAFKDN SIDNKVLVSSA
SNRGKSDDFPSLEVVKRRTFWYQLLKSKLISQRKFDNLTKAERGGLLPEDKAGFIQRLVETRQITKHVA
RLLDEKFNNKKDENNRVARTVKIITLSTLVSQFRKDFELYKVREINDFHHAHDAYLNAVIASALLKKYPK
LEPEFYVDYPKYNSFRERKSATEKVYFYSNMNIFKKISLADGRVIERPLIEVNEETGESVWNKESDLATV
RRVLSYPQVNVVKKVEEQNHGLDRGKPKGLFNANLSSKPKPNSNENLVGAKEYLDPKKYGGYAGISNSFA
VLVKGTIEKGAKKKITNVLEFQGISILDRINRYRKDKLNFLLEKGYKDIELIIELPKYSLFELSDGSRRLASILS
TNNKRGEIHKGNQIFLSQKFVLLYHAKRISNTINENHRKYVENHKKFEELFYIIEFNENYVGA KKNGK
LLNSAFQSQWNHSIDELCSSFIGPTGSEKGLFELTSRGSAADFEFLGVKIPRYRDYTPSSLLKDATLIHQSVT
GLYETRIDLAKLGEG (SEQ ID NO: 12)

스트랩토코쿠스 써모필루스 CRISPR1 Cas9 야생형 (St1Cas9)

MSDLVLGLDIGISVGVGILNKVTGEIHHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQGRRLTRRKKHRRVRLNRLFEE
SGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFIALKNMVKHRGISYLDASDDGNSSIGDYAQIVKENSQK
LETKTGPQIQRLERYQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEFINRYLEI
LTGKRKYHYHGPNGEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFPDEFRAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTV

[0288]

PTETKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAKLFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTEAYRKMKTLE
 TLDIEQMDRETLDKLAYVLTNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGWHNFSVKL
 MMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIYNPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFD
 NIVEMARETNEDDEKKAIOKIQKANKDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQG
 ERCLYTGKTSIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQALDSMDDAWSFRE
 LKAFVRESKTLNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLVDTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRG
 QFTSQLRRHWGIEKTRDTYHHHVAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISSDEYKESV
 KAPYQHFDVTLKSKFEFDSILFSYQVDSKFNKISDATIYATRQAKVGKDKADETYVLGKIKDIYTQDGYD
 AFMKIYKDKSKFLMYRHPDQTFEKVIEPILENYPNKQINEKGKEVPCNPFLKYEEHGYIRKYSKKGNP
 EIKSLKYYSKLGHNHIDITPKDSNNKVVLSQSPWRADVFNKTTGKYEILGLKYADLQFEKGTGTYSISQ
 EKYNDIKKKEGVSDSEFKFTLYKNDLLVKDTETKEQQLFRFLSRTMPKQKHVELKPYDKQKFEGGEA
 LIKVLGNVANSQQCKKGLGKSNISYKVRTDVLGNQHIKNEGDKPKLDF (SEQ ID NO: 13)

술폴로부스 이슬란디쿠스(*Sulfolobus islandicus*)로부터의 CasX (균주 REY15A).

MEVPLYNIFGDNYYIQVATEAENSTIYNNKVEIDDEELRNVLNLAYKIAKNNEDEAAERRGKAKKKKGEEG
 ETTTNNILPLSGNDKNPWTTTLKCYNFPTTVALSEVFNFSQVKECEEVSAPSFVKPEFYKFGSPGMVERT
 RRVKLEVEPHYLIAMAAAGWVLTGLGKAKVSEGDYVGVNVFTPTRGILYSLIQNVNGIVPGIKPETAFLWI
 ARKVVSSVTNPVSVVSYTISDAVGQNPTTINGGFSIDLTKLLEKRDLLSERLEAIARNALSISSNMREYIV
 LANYIYEYLTGSKRLEDLLYFANRDLIMNLNSDDGKVRDLKLISAYVNGELIRGEG (SEQ ID NO: 14)

술폴로부스 이슬란디쿠스로부터의 CasY (균주 REY15A).

MEVPLYNIFGDNYYIQVATEAENSTIYNNKVEIDDEELRNVLNLAYKIAKNNEDEAAERRGKAKKKKGEEG
 ETTTNNILPLSGNDKNPWTTTLKCYNFPTTVALSEVFNFSQVKECEEVSAPSFVKPEFYKFGSPGMVERT
 RRVKLEVEPHYLIAMAAAGWVLTGLGKAKVSEGDYVGVNVFTPTRGILYSLIQNVNGIVPGIKPETAFLWIA
 RKVVSSVTNPVSVVRYITISDAVGQNPTTINGGFSIDLTKLLEKRYLLSERLEAIARNALSISSNMREYIVL
 ANYIYEYLTGSKRLEDLLYFANRDLIMNLNSDDGKVRDLKLISAYVNGELIRGEG (SEQ ID NO: 15)

야생형 프란시셀라 노비시다(*Francisella novicida*) Cpf1 (D917, E1006, 및 D1255는

볼드체이고 밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYKAKQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
 LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
 KDNIELFKANSIDITDIDEALEIISFKGWTTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
 SLKDKAPEAINYEQIKKDLAEELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
 ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
 VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNDKSLTDLSSQVFDDYSVIGTAVLEYITQQIAPKNLDNPSKKE
 QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALEEFNKHRRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNOG
 KKDLLQASAEDDVKAIDLLDQTNLLHLKLIKFIHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
 RNYITQKPYSEKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYVLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
 GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFNPSSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFENIEDCRKFIDFYK
 QSISKHPEWKDFGFRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYSK
 GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAEFYRKQSIPKKITHPAKEAIANKNDNPKEVSFEYDLIK
 DKRFTEDKFFFHCPTINFKSSGANKFNDEINLLLKEKANDVHILSIDRGERHLAYYTLVDGKGNIKQDTFNI
 IGNDRMKTYNHDKLAAIEKDRDSARKDWKINNEMKEGYLSQVVHEIAKLVEYNAIVVFEDLNFGFK
 RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGIIYYVPAGFTS
 KICPVTGFVNQLYPKYESVKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
 NSDKNHNWDTREVPYPTKELEKLLKDYISIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGTTEL
 DYLISSPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDADANGAYHIGLKGMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
 NRNN (SEQ ID NO: 16)

[0289]

프란시셀라 노비시다 CpfI D917A (A917, E1006, 및 D1255는 볼드체이고 밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYKKAQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNGIELFKANSDITDIDEALEIKSFKGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNKSLTDLSSQVFDYDYSVIGTAVLEYITQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALEEFNKHRRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNQG
KKDLLQASAEDDVKAIDKLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSDKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFNPSSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFENIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFIQYINKDFSAYS
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIKKITHPAKEAIANKNDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFFHCPITINFKSSGANKFNDEINLLLKEKANDVHILSIARGERHLAYYTLVDGKGNIKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKINNEMKEGYLSQVVHEIAKLVEYNAIVVF~~ED~~LNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGHYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
NSDKNNHWDTREVPYPTKELEKLLKDYSEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGT
DYLISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDA~~D~~ANGAYHIGLGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 17)

프란시셀라 노비시다 CpfI E1006A (D917, A1006, 및 D1255는 볼드체이고 밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYKKAQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNGIELFKANSDITDIDEALEIKSFKGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNKSLTDLSSQVFDYDYSVIGTAVLEYITQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALEEFNKHRRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNQG
KKDLLQASAEDDVKAIDKLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSDKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFNPSSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFENIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFIQYINKDFSAYS
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIKKITHPAKEAIANKNDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFFHCPITINFKSSGANKFNDEINLLLKEKANDVHILSIDRGERHLAYYTLVDGKGNIKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKINNEMKEGYLSQVVHEIAKLVEYNAIVVF~~AD~~LNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGHYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
NSDKNNHWDTREVPYPTKELEKLLKDYSEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGT
DYLISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDA~~D~~ANGAYHIGLGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 18)

프란시셀라 노비시다 CpfI D1255A (D917, E1006, 및 A1255는 볼드체이고 밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYKKAQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNGIELFKANSDITDIDEALEIKSFKGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNKSLTDLSSQVFDYDYSVIGTAVLEYITQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALEEFNKHRRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNQG
KKDLLQASAEDDVKAIDKLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSDKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE

GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFYNPSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFEFNIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYS
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIPKKITHPAKEAIANKNKDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFFHCPITINFKSSGANKFNDEINLLLEKEANDVHILSI~~DR~~GERHLAYYTLVDGKGNIQKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKKINNIKEMKEGYLSQVVHEIAKLVIEYNAIVVF~~ED~~LNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGIIYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLNFR
NSDKNHNWDTREVYPTKELEKLLKDYSIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGT
DYLISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDA~~A~~ANGAYHIGLKGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 19)

프란시셀라 노비시다 CpfI D917A/E1006A (A917, A1006, 및 D1255는 볼드체이고
밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGGKTLENIKARGLILDDDEKRAKDYKKAQIIDKYHQFFIEEILSSVCISED
LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNGIELFKANSIDITDIDEALEIKSFGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIHYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAEELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTHIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNDKSLTDLSSQVFFDDYSVIGTAVLEYITQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTAKYLSLETIKLALEEFNKHRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNG
KKDLLQSAEDDVKAIDLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSEKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFYNPSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFEFNIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYS
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIPKKITHPAKEAIANKNKDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFFHCPITINFKSSGANKFNDEINLLLEKEANDVHILSI~~AR~~GERHLAYYTLVDGKGNIQKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKKINNIKEMKEGYLSQVVHEIAKLVIEYNAIVVF~~AD~~LNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGIIYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLNFR
NSDKNHNWDTREVYPTKELEKLLKDYSIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGT
DYLISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDA~~D~~ANGAYHIGLKGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 20)

프란시셀라 노비시다 CpfI D917A/D1255A (A917, E1006, 및 A1255는 볼드체이고
밑줄표시됨)

MSIQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGGKTLENIKARGLILDDDEKRAKDYKKAQIIDKYHQFFIEEILSSVCISED
LLQNYSDVYFKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNGIELFKANSIDITDIDEALEIKSFGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIHYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAEELTFDIDYKTSEVNQRVFSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTHIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDDLKAQKLDLSKIYFKNDKSLTDLSSQVFFDDYSVIGTAVLEYITQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTAKYLSLETIKLALEEFNKHRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNG
KKDLLQSAEDDVKAIDLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSEKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFYNPSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFEFNIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESYIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYS
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIPKKITHPAKEAIANKNKDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFFHCPITINFKSSGANKFNDEINLLLEKEANDVHILSI~~AR~~GERHLAYYTLVDGKGNIQKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKKINNIKEMKEGYLSQVVHEIAKLVIEYNAIVVF~~ED~~LNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGIIYYVPAGFTS

[0291]

KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
NSDKNHNWDTREVPYPTKELEKLLKDY SIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGTTEL
DY LISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDAAANGAYHIGLKGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 21)

프란시셀라 노비시다 Cpf1 E1006A/D1255A (D917, A1006, 및 A1255는 볼드체이고
밑줄표시됨)

MSIYQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYYKAKQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
LLQNYSDVYFVKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNIELFKANSIDITDIDEALEIHSFKGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAEELTFDIDYKTSEVNQRFVSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDLKAQKLDLSKIYFKNDKSLTDLSSQVFDDYSVIGTAVLEYITQQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALAEFNKHRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNGG
KKDLLQASAEDDVKAIDLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSDKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFNPSSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFENIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGFRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYSK
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIKKITHPAKEAIANKNDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFHCPTITNFKSSGANKFNDEINLLKEKANDVHILSIDRGERHLAYYTLVDGKGNIKKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKINNEMKEGYLSQVVHEIAKLVEIYNAIVVFADLNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGHYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
NSDKNHNWDTREVPYPTKELEKLLKDY SIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGTTEL
DY LISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDAAANGAYHIGLKGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 22)

프란시셀라 노비시다 Cpf1 D917A/E1006A/D1255A (A917, A1006, 및 A1255는 볼드체이고
밑줄표시됨)

MSIYQEFVNKYSLSKTLRFELIPQGKTLENIKARGLILDDEKRAKDYYKAKQIIDKYHQFFIEILSSVCISED
LLQNYSDVYFVKLKKSDDDNLQKDFKSAKDTIKKQISEYIKDSEKFNLFNQNLIDAKKGQESDLILWLKQS
KDNIELFKANSIDITDIDEALEIHSFKGWTTYFKGFHENRKNVYSSNDIPTSIYRIVDDNLPKFLENKAKYE
SLKDKAPEAINYEQIKKDLAEELTFDIDYKTSEVNQRFVSLDEVFEIANFNYYLNQSGITKFNTIIGGKFVNG
ENTKRKGINEYINLYSQINDKTLKKYKMSVLFKQILSDTESKSFVIDKLEDDSDVVTMQSFYEQIAAFKT
VEEKSIKETLSLLFDDLKAQKLDLSKIYFKNDKSLTDLSSQVFDDYSVIGTAVLEYITQQIAPKNLDNPSKKE
QELIAKKTEKAKYLSLETIKLALAEFNKHRDIDKQCRFEEILANFAAIPMIFDEIAQNKDNLAQISIKYQNGG
KKDLLQASAEDDVKAIDLLDQTNLLHKLKIFHISQSEDKANILDKDEHFYLVFEECYFELANIVPLYNKI
RNYITQKPYSDKFKLNFENSTLANGWDKNKEPDNTAILFIKDDKYLLGVMNKKNNKIFDDKAIKENKGE
GYKKIVYKLLPGANKMLPKVFFSAKSIKFNPSSEDILRIRNHSTHTKNGSPQKGYEKFENIEDCRKFIDFYK
QSISKHPEWKDFGFRFSDTQRYNSIDEFYREVENQGYKLTFFENISESIDSVVNQGLYLFQIYNKDFSAYSK
GRPNLHTLYWKALFDERNLQDVVYKLNGEAELFYRKQSIKKITHPAKEAIANKNDNPKKESVFEYDLIK
DKRFTEDKFFHCPTITNFKSSGANKFNDEINLLKEKANDVHILSIARGERHLAYYTLVDGKGNIKKQDTFNI
IGNDRMKTNYHDKLAAIEKDRDSARKDWKINNEMKEGYLSQVVHEIAKLVEIYNAIVVFADLNFGFK
RGRFKVEKQVYQKLEKMLIEKLNLYVFKDNEFDKTGGVLRAYQLTAPFETFKKMGKQTGHYYVPAGFTS
KICPVTGFVNQLYPKYESVSKSQEFFSKFDKICYNLDKGYFEFSFDYKNFGDKAAKGKWTIASFGSRLINFR
NSDKNHNWDTREVPYPTKELEKLLKDY SIEYGHGECIKAAICGESDKKFFAKLTSVLNTILQMRNSKTGTTEL
DY LISPVADVNGNFFDSRQAPKNMPQDAAANGAYHIGLKGLMLLGRIKNNQEGKKLNLVIKNEEYFEFVQ
NRNN (SEQ ID NO: 23)

[0292]

야생형 나트로노박테리움 그레고리이(*Natronobacterium gregoryi*) 아르코노트

MTVIDLDSTTTADELTSGHTYDISVTLTGVYDNTDEQHPRMSLAFEQDNGERRRYITLWKNTTPKDVFTYDY
ATGSTYIFTNIDYEVKDGYNLTATYQTTVENATAQEVGTTDEDETFAGGEPLDHHLLDALNETPDDAETE
SDSGHVMTSFASRDQLPEWTLHTYTLTATDGAKTDTEYARRTLAYTVRQELYTDHDAAPVATDGLMLLT
PEPLGETPLDLDCGVRVEADETRTLDYTTAKDRLLARELVEEGLKRSLWDDYLVRGIDEVLSKEPVLTCD
FDLHERYDLSVEVGHSGRAYLHINFRHRFVPKLTLADIDDDNIYPGLRVKTTYRPRRGHIVWGLRDECATD
SLNTLGNQSVVAYHRNNQTPINTDLLDAIEAADRRVVETRRQGHGDDAVSFPQELLAVEPNTHQIKQFASD
GFHQQARSKTRLASRCSEKAQAFERLDPVRLNGSTVEFSSEFFTGNNEQQLRLLYENGESVLTFRDGR
GAHPDETFSKGIVNPPESFEVAVVLEPQQADTCKAQWDTMADLLNQAGAPPTRSETVQYDAFSSPESISLN
VAGAI DPSEVDAAFVVLPPDQEGFADLASPTETYDELKKALANMGISQMAFYDRFRDAKIFYTRNVALG
LLAAAGGVAFTEHAMPGDADMFIGIDVSRYPEDGASGQINIAATATAVYKDGITLGHSSSTRPQLGEKLQ
STDVDRDIMKNAILGYQQVTGESPTIHVHRDGMNEDLDPATEFLNEQGVYDIVEIRKQPQTRLLAVSDVQ
YDTPVKSIAAINQNEPRATVATFGAPEYLATRDGGGLPRPIQIERVAGETDIETLTRQVYLLSQSHIQVHNST
ARLPITTAYADQASTHATKGYLVQTGAFESNVGFL (SEQ ID NO: 24)

Cas9 및 DNA 백본 사이에 감소된 정전기적 상호작용을 갖는 Cas9 변이체

DKKYSIGLAIIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSESLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV
STDKADRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLS
KSRRLENLIAQLPGEKKNGFLGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYAD
LFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYA
GYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPYVVGPLARGNSRFAMWTRKSEETITPWNFEVVDKGASASQSFIERMTAFDKNLPNE
KVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF
DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVM
KQLKRRRYTGWGAISRLKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDFANRNFMAIHHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDS
LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSD
KNRGKSDNVPSEEVVKMKMNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRAITKHV
AQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYP
KLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVW
DKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKNPIDFLEAKGYKEVKDLIILPKYSLFELENGRKRMLAS
AGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLD
KVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDL
SQLGGD (SEQ ID NO: 25)CasY (ncbi.nlm.nih.gov/protein/APG80656.1)

>APG80656.1 CRISPR-연관 단백질 CasY [비배양된 파르쿠박테리아(*Parcubacteria*) 군
박테리움]

MSKRHPRISGVKGYRLHAQRLEYTGKSGAMRTIKYPLYSSPSGGRTVPREIVSAINDDYVGLYGLSNFDDL
YNAEKRNEEKVYSVLDFWYDCVQYGVFSYAPGLLKNVAEVRGGSYELTKTLKGSHLYDELQIDKVIK

[0293]

LNKKEISRANGSLDKLKKDIIDCFKAEYRERHKDQCENKLADDIKNAKKDAGASLGERQKKLFRDFFGISEQ
SENDKPSFTNPLNLTCCLLPFDVTNNNRNRGEVLFNKLKEYAQKLDKNEGSLEMWEYIGIGNSGTAFSNFL
GEGFLGRLRENKITELEKAMMDITDAWRGQEQEELEKRLRLAALTIKLEPKFDNHGGYRSDINGKLS
SWLQNYINQTVKIKEDLKGHKDLKKAKEMINRFGESDTKEEAVVSSLESIEKIVPDDSDADDEKPDIPAI
YRRFLSDGRLTLNRFVQREDVQEALIKERLEAEKKKKPKKRKKKSDAEDEKETIDFKELFPHLAKPLKLP
NFYGDSKRELYKKYKNAIYTDALWKAWEKIYKSAFSSSLKNSFFDITDFDKDFIKRLQKIFSVYRRFNTDK
WKPIVKNFSAPYCDIVSLAENEVLYKPKQSRSRKSAIDKNRVRLPSTENIAKAGIALARELSVAGFDWKDL
LKKEEHEEYIDLIELHKTALALLAVTETQLDISALDFVENGTVKDFMKTRDGNLVLEGRFLEMFSQSIVFS
ELRGLAGLMSRKEFITRSIAITMNGKQAEELYPHEFQSAKITTPKEMSRAFLDLAPAEFATSLEPESLEKS
LLKLLQMRYYPHYFGYELTRTGQIDGGVAENALRLEKSPVKKREIKCKQYKTLGRGQNKIVLYVRSSYY
QTQFLEWFLHRPKNVQTDVAVSGSFLIDEKKVKTRWNYDALTVALEPVSGSERVFSQPFITFPEKSAAAA
GQRYLGIDIGEYGIAYTALEITGDSAKILDQNFISDPQLKTLREEVKGLKLDQRRGTAMPSTKIARIRESLV
HSLRNRIHHLALKHKAKIVYELEVSREFEGKQKIKKVVATLKKADVSEIDADKNLQTTVWGKLAVASEIS
ASYTSQFCGACKKLWRAEMQVDETTITQELIGTVRVIKGGTLIDAIKDFMRPPIDENDTPPKYRDFCDKH
HISKMRGNSCLFICPFCRANADAIQASQTIALLRVYKEKKVEDYFERFRKLKNIKVLGQMKKI (SEQ
ID NO: 26)

고충실도 Cas9 도메인

DKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRNKRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVD
STDKADLRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLS
KSRRLNLIQAQLPGEKKNGFLGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYAD
LFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYA
GYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPL
KDNREKIEKILTFRIPIYVGLPARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIERMTAFDKNLPNE
KVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDILLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF
DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIHKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVM
KQLKRRRYTGWGALESRLKINGIRDKQSGKTILDFLKSDFANRNFMAIHDDSLTFKEDIQAQVSGQGDS
LHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSD
KNRGKSDNVPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRAITKHV
AQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYP
KLESEFVYGDYKYYDVVKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVW
DKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKEVGKSKLLKSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLAS
AGELQKGNELALPSKYVNFYLYLASHYEKLKGPEDNEQQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLD
KVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDL
SQLGGD (SEQ ID NO: 394)

C2c1 (uniprot.org/uniprot/T0D7A2#)

sp|T0D7A2|C2C1_ALIAG CRISPR-연관 엔도뉴클레아제 C2c1 OS=알리시클로바실루스

아시도테레스트리스 (균주 ATCC 49025 / DSM 3922 / CIP 106132 / NCIMB 13137 / GD3B)

GN=c2c1 PE=1 SV=1

MAVSIKVKLRLDDMPDIRAGLWKLHKEVNAGVRYYTEWLSLLRQENLYRRSPNGDGEQECDKTAECK
AELLERLRARQVENHGRGPAAGSDELLQLARQLYELLVPAIGAKGDAQIARKFLSPLADKDAVGGLGI
AKAGNKPRVVRMREAGEPGWEEKEKAETRKSADRTADVLRALADFLGKPLMRVYTDSEMSSVEWKPL
RKGAQAVRTWDRDMFQQAIERMMSWESWNQRVGQYAKLVEQKNRFEQKNFVGQEHVHLVNQLQQD
MKEASPGLESKEQTAHYVTGRALRGSDKVFEKWGKLAPDAPFDLYDAEIKNVQRRNTRRFQSHDLFAKL
AEPEYQALWREDASFLTRYAVYNSILRKLNHAKMFATFTLPDATAHPIWTRFDKLGGNLHQYTFLFNEFGE
RRHAIRFHKLKLVENGVAREVDDVTPIISMSEQLDNLLPRDPNEPIALYFRDYGAEQHTGEFGGAKIQCR

[0294]

RDQLAHMHRRRGARDVYLVNSVVRVQSQSEARGERRPPYAAVFRVLVDGNHRAVHFHDKLSDYLAHPDD
GKLGSEGLSGLRVMVDLGLRTSASISVFRVARKDELKPSKGRVPPFFPIKGNDNLVAVHERSOLLKLPG
ETESKDLRAIREERQRTLRLQTLAYLRLVRCGSEDVGRRRERSWAKLIEQPVDAAANHMTDPDWREAFEN
ELQKLKSLHGICSDKEWMDAVYESVRRVVRHMGKQVRDWRKDVRSGERPKIRGYAKDVVGNSIEQIEY
LERQYKFLKSWSFFGKVSGQVIRAEKGSRAITLREHIDHAKEDRLKKLADRIIMEALGYVYALDERGKGG
WYAKYPPCQLILLEELSEYQFNNDRPPSENQMLQWWSHRGVFQELINQAQVHDLLVGTMYAAFSSRFDA
TGAPGIRCRVPARCTQEHNPFPFWLNNKFVVEHTLDACPLRADDLIPTGEGEIFVSPFSAEEGDFHQIHA
DLNAAQNLQQLWSDFDISQIRLRCDWGEVDGELVLIPRLTGKRTADSYSNKVFTNTGVTYYERERGGK
RRKVFAQEKLEEEAEELLVEADEAREKSVVLMRDPGGINRGWTRQKEFWSMVNNQRIEGLVKQIRSRVP
LQDSACENTGDI (SEQ ID NO: 395)

C2c2 (uniprot.org/uniprot/P0DOC6)

>sp|P0DOC6|C2C2_LEPSD CRISPR-연관 엔도리보뉴클레아제 C2c2 OS=렙토트리키아

샤하이 (균주 DSM 19757 / CCUG 47503 / CIP 107916 / JCM 16776 / LB37) GN=c2c2 PE=1

SV=1

MGNLFHGHRWYEVDRDKDFKIKRKVKVKNRYDGNKYILNINENNNKEKIDNNKFIKRYINYKKNDNILKE
FTRKFHAGNIFLKLKGKEGIIRIENDDFLETEEVVLYIEAYGKSEKLKALGITKKKIIDEAIRQGITKDDKKIE
IKRQENEEIEIDIRDEYTNKTLNDCSILRIENDELETKKSIYEIFKNINMSLYKIEKIIENETEKVFENRYEE
HLREKLLKDDKIDVILTNFMEIREKIKSNLEILGFVKFYLNVGGDKKKSKNKKMLVEKILNINVDLTVEDIA
DFVKELEFVWNITKRIEKVKVNNNEFLEKRRNRITYIKSYVLLDKHEKFKIERENKDKIVKFFVENIKNNSIK
EKIEKILAEFKIDELIKKLEKELKKNCDTEIFGIFKKHYKVNFDSKKKSKSDEEKELYKIIYRYLKGRIEKIL
VNEQKVRLLKMEKIEIEKILNESILSEKILKRVKQYTLHEIMYLGKLRHNDIDMTTVNTDDFSRLHAKELD
LELITFFASTNMELNKIFSRENNINNDENIDFFGGDREKNYVLDKKILNSKIKIIRDLDFIDNKNNITNNFIRKFT
KIGTNERNRILHAISKERDLQGTQDDYNKVINIQLNKISDEEVSKALNLDVVFCKDKKNITKINDIKISEENN
NDIKYLPSPFSKVLPEILNLYRNPNKNEPFDTIETEKIVLNALIVYNKELYKKLILEDDLEENESKNIFLQELKK
TLGNIDEIDENIENYKNAQISASKGNNAIKKYQKKVIECYIGYLRKNYEELDFDSDFKMNIEKQKQIKDI
NDNKTYERITVKTSDKTIVINDDFEYIISIFALLNSNAVINKIRNRFFATSVWLNTSEYQNIIDILDEIMQLNTL
RNECITENWNLNLEEFIQKMEIEKDFDDFKIQTKKEIFNNYEDIKNNILTEFKDDINGCDVLEKKLEKIVIF
DDETKFEIDKKSNILQDEQRKLSNINKDLKKKVDQYIKDKDQEKSKILCRHNSDFLKKYKKEIDNLIED
MESENEKFKQEIYPKERKNELITYKKNLFLNIGNPNFDKIYGLISNDIKMADAKFLNIDGKNIRKNKISEID
AILKNLNDKLNIGYSKEYKEYIKKLEKENDFFAKNIQKNKYKFEKDYNRVSEYKKIRDLVEFNLYLNKIES
YLIDINWKLAIQMARFERDMHYIVNGLRELGIKLSGYNTGISRAYPKRNGSDGFYTTTAYYKFFDEESYKK
FEKICYGFGIDLSENSEINKPENESIRNYISHFYIVRNPFADYSIAEQIDRVSNLLSYSTRYNNSTYASVFEVFK
KDVNLDYDELKKKFKLIGNNDILERLMKPKKVSVLELESYNSDYIKNLIELLTKIENTNDTL (SEQ ID NO:
396)

C2c3, 하기로부터 번역됨: >CEPX01008730.1 마린 메타게놈 게놈 어셈블리

TARA_037_MES_0.1-0.22, 콘타그 TARA_037_MES_0.1-0.22_스캐폴드22115_1, 전체 게놈

샷건 서열.

MRSNYHGGRNARQWRKQISGLARRTKETVFYTKFPLETDAAEIDFDKAVQTYGIAEGVGHGSLIGLVCAF
HLSGFRFLSKAGEAMAFNRNSRYPTDAFAEKLSAIMGQLPTLSPEGLDLIFQSPPRSDDGIAPVWSENEVRN
RLYTNWTRGRGPAANKPDEHLEIAEIAQVFPKFGGWDDLASDPDKALAAADKYFQSQGDFFPSIASLPAAI
MLSPANSTVDFEGDYIAIDPAAETLLHQAVSRCAARLGRERPDLQNKGPVSSQLDALVSSQNNGLSWLF
GVGFQHWKEKSPKELIDEYKVPADQHGAVTQVKSFDVAIPLNPLFDTHYGEFRASVAGKVRSWVANYW
KRLLDLKSLLATTEFTLPESISDPKAVSLFSGLLVDPQGLKKVADSLPARLVSAAEADRLMGVGIPTAADIA
QVERVADIEGAFIGQVQFNNQVQKQLENLQDADDEEFLKGLKIELPSGDKEPPAINRISGGAPDAAAEISE
LEELQRLLDARSEHFQTISEWAENAVTLDPIAAMVELERLRLAERGATGDPEEYALRLLQLRIGRLANR
VSPVSAGSIRELLKPVFMEEREFFHNRLGSLYRSPYSTSRHOPFSIDVGKAKAIDWAGLDOISSDIEKAL
SGAGEALGDQLRDWINLAGFAISQRLRGLPDTVPNALAQVRCPPDDVRIPPLAMLEEDDIARDVCLKAFN
LYVSAINGCLFGALREGFIVRTRFQIRIGTDQIHYPKDKAWEPDRLNTAKGPINAAVSSDWIEKDGAVIKP
VETVRNLSSTGFAGAGVSEYLVAQPHDWYTPDLDRDVAHLVTGLPVEKNITKLKRLTNRTAFRMVGAASF
KTHLDSVLLSDKIKLGDFTIIDIQHYRQSVTYGGKVKISYEPERLQVEAAVPVVDTRDRTPVPEPDTLFDHIVA
IDLGERSVGFAVFDIKSCLRTGEVKPIHDNNGNPVVGTVAVPSIRRLMKAVRSHRRRRQPNQKVNQTYSTA
LQNYRENVIGDVCNRIDTLMERYNAFPVLEFQIKNFQAGAKQLEIVYGS (SEQ ID NO: 397)

[0295]

[0296]

4개의 Cas9 서열의 예시적인 정렬은 하기 제공된다. 정렬에서의 Cas9 서열은 하기와 같다: 서열 1 (S1): 서열 식별번호: 1 | WP_010922251 | gi 499224711 | 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오케네스]; 서열 2 (S2): 서열식별번호: 27 | WP_039695303 | gi 746743737 | 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 갈롤리티쿠스(*Streptococcus gallolyticus*)]; 서열 3 (S3): 서열식별번호: 28 | WP_045635197 | gi 782887988 | 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 미티스(*Streptococcus mitis*)]; 서열 4 (S4): 서열식별번호: 29 | 5AXW_A | gi 924443546 | 스타필로코쿠스 아우레우스 Cas9. HNH 도메인 (볼드체 및 밑줄표시됨) 및 RuvC 도메인 (박스표시됨)이 4개의 서열 각각에 대해 확인된다. S1 내 아미노산 잔기 10 및 840, 및 정렬된 서열 내 상동 아미노산은 각각의 아미노산 잔기 뒤의 별표로 확인된다.

S1 1 --MDKK-YSIGLD*IGTNSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLI--GALLFDSG--ETAEATRLKRTARRRYT 73
S2 1 --MTKKNYSIGLD*IGTNSVGWAVITDDYKVPKMKMKVLGNTDKYIKKNLL--GALLFDSG--ETAEATRLKRTARRRYT 74
S3 1 --M-KKGYSIGLD*IGTNSVGFAVITDDYKVPSSKKMKVLGNTDKRFIKKNLI--GALLFDEG--TTAEARRLKRTARRRYT 73
S4 1 GSHMKRNYILGLD*IGITSVGYGII--DYET-----RDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKR 61

S1 74 RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRL 153
S2 75 RRKNRLRYLQEIFANEIAKVDESFQRLDESFLTDDDKTFDSSHPIFGNKAEEEDAYHQKFPTIYHLRKHLADSSEKADLRL 154
S3 74 RRKNRLRYLQEIFSEEMSKVDSSFFHRLDDSLIPEDKRESKYPIFATLTEEKEYHKQFPTIYHLRKQLADSKEKTDLRL 153
S4 62 RRRHRIQRVKLL-----FDYNLLTD-----HSELGINPYEARVKGLSQKLSEEE 107

S1 154 IYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEK 233
S2 155 VYLALAHMIKFRGHFLIEGELNAENTDVQKIFADFGVGNRTFDDSHLSEITVDVASILTEKISKSRLENLIKYYPTEK 234
S3 154 IYLALAHMIKRYGHFLYEEAFDIKNNDIQKIFNEFTSIYDNTFEGSSLSGQNAQVEAIFTDKISKAKRERVKLFPDEK 233
S4 108 FSAALLHLAKRRG-----VHNVNEVEEDT----- 131

S1 234 KNLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT 313
S2 235 KNTLFGNLIALALQPNFKTNFKLSEDAKLQFSKDTYEEDLEELLGKIGDDYADLFTSAKNLYDAILLSGILTVDDNST 314
S3 234 STGLFSEFLKLVGNQADFQKHFDLEDKAPLQFSKDTYEDLENLLGQIGDDFTDLFVSAKKLYDAILLSGILTVTDPST 313
S4 132 -----GNELS-----TKEQISR----- 144

S1 314 KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKM--DGTEELLV 391
S2 315 KAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKANKSELYHDI FKDKNKNKYAGYIENGVKQDEFYKYLKNILSKIKIDGSDYFLD 394
S3 314 KAPLSASMIERYENHQNDLAALKQFIKNNLPEKYDEVFSDQSKDGYAGYIDGKTTQETFYKYIKNLLSKF--EGTDYFLD 391
S4 145 ---SKALEEKYVAELQ-----LERLKKDG----- 165

S1 392 KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLLKDNKEKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAMWTRKSEE 471
S2 395 KIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEMHAILRRQGDYYPFLKEKQDRIEKILTFRIPYYVGPLVRKDSRFWAWEYRSDE 474
S3 392 KIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEMNAILRRQGEYYPFLKDNKEKIEKILTFRIPYYVGPLARGNRFALWTRNSDE 471
S4 166 --EVRGSINRFTSD-----YVKEAKQLLVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGP--GEGSPFGW-----K 227

S1 472 TITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL 551
S2 475 KITPWNFDKVIDKEKSAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPHKSHVYETYAVYNELTKIKYVNEQGKE-SFFDSNMKQEIFDH 553
S3 472 AIRPWNFEEIVDKASSAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPHKSHLLYETFAVYNELTKVKFIAEGLRDYQFLDSGQKKQIVNQ 551
S4 228 DIKEW-----YEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEK---LEYEKEFQIEN 289

S1 552 LFKTNRKVTQVLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDR---FNASLGYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTFLFED 628
S2 554 VFKENRKVTEKLLNYLNKEFPEYRIKDLIGLDKENKSNFASLGYHDLKIL-DKAFLDDKVNEEVIEDIIKTTLTLFED 632
S3 552 LFKENRKVTEKDIIHYLHN-VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLKIIKDKFMDDAKNEAILENIVHTLTIFED 627
S4 290 VFQQKKKPTLKQIAKEILVNEDIKGYRVSTGKPEF---TNLKVYHDIKDITARKEII---ENAEELLDQIAKILTIYQS 363

S1 629 REMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKED 707
S2 633 KDMIHERLQKYSIDIFTANQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRKENNKTILDYLIDDGSANRNFMLINDDTLPFKQI 711
S3 628 REMIKQRLAQYDSLFDKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGICDKQGTGNTILDYLIDDGKINRNFMLINDDGLSFKEI 706
S4 364 SEDIQEELTNLNSLTQEIEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDE-----LWHTNDNQIAIFNRKLVP----- 428

S1 708 IQKAQVSGGQ**DSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMA**RENQTT-----Q**KGQKNSRERM** 781
S2 712 IQKSQVVGDV**DDIEAVVHDLPGSPAIIKKGILQSVKIVDELVKVMG-GNPDNIVIEMA**RENQTT-----NR**GRSQSQORI** 784
S3 707 IQKAQVIGKT**DDVKQVQELSGSPAIIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMA**RENQTT-----AR**GKKNSQORY** 779
S4 429 -KKVDLSQ**QKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYG--LPNDIIIEIA**REKNSKDAQKMIN**MQKRNROTN** 505

S1 782 **KRIEEGIKELGSQIL-----KEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSD----**YVDH***IVPQSFLKDD** 850
S2 785 **KKLQNSLKELGSNIIINEEKPSYIEDKVENSHLQNDQLFLYYIQNGKDMYTGDELDIDHLSD----**YDIDH***IIPQAFIKDD** 860
S3 780 **KRIEDSLKILASGL---DSNIIKENPTDNNQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGELDINQLSS----**YDIDH***IIPQAFIKDD** 852
S4 506 **ERIEEIIRTGK-----ENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYVDH*IIPRSVSFDN** 570

S1 851 **SIDNKVLTRSDKNRGKSDNPVSEEVVKMKNYWRQLLNAKLI**TQRKFDN-LTKAERG**GL-SELD-----KAGFIKRQLV** 922
S2 861 **SIDNRVLTSSAKNRGKSDDVPSLDIVRARKAEWVRLYKSGLISKRKFDN-LTKAERG**GL-TEAD-----KAGFIKRQLV 932
S3 853 **SIDNRVLTSSKDNRGKSDNPVSEIEVVQKRKAFWQQLDSKLISERKFNN-LTKAERG**GL-DERD-----KVGFIKRQLV 924
S4 571 **SFNKVLVQKEEASKGNRTFFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAQKGRISK**TKKKE**YLLEERDINRFSVQKDFINRNLV** 650

S1 923 **ETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYF** 1002
S2 933 **ETRQITKHVAQILDARFNTEHDENDKVIDVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINDYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYF** 1012
S3 925 **ETRQITKHVAQILDARYNTEVNEKDKKNRTVKIITLKSCLVSDFRKDFQFYKREINDYHHAHDAYLNAVVAKATIIKKYF** 1004
S4 651 **DTRYATRGLMNLRLSYFRVN-----NLDVKVKSINGGTFSLRRKWKFKKERNKGYKHAEDALIIA-----** 712

S1 1003 **KLESEFVYGDKYVDVRKMIKSEQ--EIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG---** 1077
S2 1013 **KLASEFVYGEYKKYDIRKFIITNSSD----KATAKYFFYSNLMNFFKTKVKYADGTVFERPIIETNAD-GEIAWNKQ---** 1083
S3 1005 **KLEPEFVYGEYQYDLKRYISRSKDPKEVEKATEKYFFYSNLLNFFKEVHYADGTIVKRENIEYSKDTGEIAWNKE---** 1081
S4 713 **--NADFIFKEWKKLDAKKVMENQM-----FEEKQAESMPEIETEQEYKEIFITPHQIK** 764

S1 1078 **-----RDFATVRKVLSPQVNI**VKKTEVQT**GGFSKESILPKRNSDKLIARKKD---WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAVK** 1149
S2 1084 **-----IDFEKVRKVLSPQVNI**VKKVETQT**GGFSKESILPKGSDKLI**PRKTKKYVWDTKKYGGFDSPTVAYSFVADV 1158
S3 1082 **-----KDFATIKKVLSPQVNI**VKKREVQT**GGFSKESILPKGNSDKLI**PRKTKDILLDTTKYGGFDSPTVAYSILLIADI 1156
S4 765 **HIKDFKDYKYSRVRDKKPNRELINDTLYST**RKDDKGNTLIVNNLGLYDKDNDKL---KKLIN-KSP---EKLIMYHH 835

S1 1150 EKGKSKKLKSVKELGITIMERSFFEKNPI-DFLEAKG-----YKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKG 1223
S2 1159 EKGKAKKLKTVELVGISIMERSFFEENPV-EFLENKG-----YHNIREDKLILPKYSLFEFEGGRRRLASASELQKG 1232
S3 1157 EKGKAKKLKTVKTIVGTIMEKAAFEENPI-TFLENKG-----YHNVRKENILCLPKYSLFELENGRRLASAKELQKG 1230
S4 836 DPQTYQKLK-----LIMEQYGEKNPLYKYEEETGNLYTKYSKDNPGVVIKKIKYGNKLAHLIDITDDYPNSRNKV 907

S1 1224 NELALPSKYVNFYLYLASHYEKLKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVL SAYNKH----- 1297
S2 1233 NEMVLPGYLVVELLYHAHRADNF-----NSTEYLNYSVEHKKFEKVLSCVEDFANLYVDVEKNLSKIRAVADSM----- 1301
S3 1231 NEIVLPVYLTLLYHSKNVHKL-----DEPGHLEYIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQYVLADANLEKIKSLYADN----- 1299
S4 908 VKLSLKPYRFD-VYLDNGVYKFV-----TVKNLDVIK--KENYEVNSKAYEEAKKLKISNQAEFTASFYNDLIKING 979

S1 1298 RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKYRSTKEVLDATLIHQSI-----GLYETRI----DLSQL 1365
S2 1302 DNFSIEISNSFINLLTTLGAPADFNFLGEKIPRKRYSTKECLNATLIHQSI-----GLYETRI----DLSKL 1369
S3 1300 EQADIEILANSFINLLTFTALGAPAAFKFFGKDIDRKRYTIVSEILNATLIHQSI-----GLYETWI----DLSKL 1367
S4 980 ELYRVIGVNNDDLNRIEVNMIDITYR-EYLENMNDKRPPRIKIASKT---QSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKK 1055

S1 1366 GGD 1368
S2 1370 GEE 1372
S3 1368 GED 1370
S4 1056 G-- 1056

[0298]

[0299]

[0300]

정렬은 참조 Cas9 아미노산 서열 또는 아미노산 잔기에 상동인 아미노산 서열 및 아미노산 잔기가, 관련 기술분야에 알려진 정렬 프로그램 및 알고리즘을 사용하여 참조 서열 또는 참조 잔기와 정렬되는 아미노산 서열 또는 잔기를 확인함으로써, 상이한 종으로부터의 Cas9 서열을 포함하나 이에 제한되지는 않는 Cas9 서열 변이체에 걸쳐 확인될 수 있다는 것을 입증한다. 본 개시내용은 서열식별번호: 1 및 27-29 (예를 들어, 각각 S1, S2, S3 및 S4)에서의 별표에 의해 확인된 아미노산 잔기 중 하나 이상이 본원에 기재된 바와 같이 돌연변이된 것인 Cas9 변이체를 제공한다. 서열식별번호: 1 및 27-29에서의 별표에 의해 확인된 잔기에 상응하는 서열식별번호: 1의 Cas9에서의 잔기 D10 및 H840은 본원에서 "상동" 또는 "상응하는" 잔기로 지칭된다. 이러한 상동 잔기는, 예를 들어, 상기 기재된 바와 같은 서열 정렬에 의해, 및 참조 서열 또는 잔기와 정렬되는 서열 또는 잔기를 확

인함으로써 확인될 수 있다. 유사하게, 본원에서 서열식별번호: 1에서 확인된 돌연변이, 예를 들어, 서열식별번호: 1에서의 잔기 10, 및 840의 돌연변이에 상응하는 Cas9 서열에서의 돌연변이는 본원에서 "상동" 또는 "상응하는" 돌연변이로 지칭된다. 예를 들어, 상기 4개의 정렬된 서열에 대해 서열식별번호: 1 (S1)에서의 D10A 돌연변이에 상응하는 돌연변이는 S2에 대해 D11A, S3에 대해 D10A, 및 S4에 대해 D13A이고; 서열식별번호: 1 (S1)에서의 H840A에 대해 상응하는 돌연변이들은 S2에 대해 H850A, S3에 대해 H842A, 및 S4에 대해 H560A이다.

[0301]

상이한 종으로부터의 총 250개 Cas9 서열 (서열식별번호: 1 및 27-275)이 제공된다. 서열식별번호: 1의 잔기 10 및 840에 상응하는 아미노산 잔기는 상기 요약된 바와 동일한 방식으로 확인될 수 있다. 이들 Cas9 서열 모두는 본 개시내용에 따라 사용될 수 있다.

WP_010922251.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 1
WP_039695303.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 간콜라티쿠스]	SEQ ID NO: 27
WP_045635197.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 미티스]	SEQ ID NO: 28
5AXW_A	Cas9, 채 A, 절정 구조 [스타필로코쿠스 아우레우스]	SEQ ID NO: 29
WP_009880683.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 30
WP_010922251.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 31
WP_011054416.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 32
WP_011284745.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 33
WP_011285506.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 34
WP_011527619.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 35
WP_012560673.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 36
WP_014407541.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 37
WP_020905136.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 38
WP_023080005.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 39
WP_023610282.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 40
WP_030125963.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 41
WP_030126706.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 42
WP_031488318.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 43
WP_032460140.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 44
WP_032461047.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 45
WP_032462016.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 46
WP_032462936.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 47
WP_032464890.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 48

[0302]

WP_033888930.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 49
WP_038431314.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 50
WP_038432938.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 51
WP_038434062.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 52
BAQ51233.1	CRISPR-연관 단백질, Csn1 페밀리 [스트렙토코쿠스 피오게네스]	SEQ ID NO: 53		
KGE60162.1	가설 단백질 MGAS2111_0903 [스트렙토코쿠스 피오게네스 MGAS2111]	SEQ ID NO: 54		
KGE60856.1	CRISPR-연관 엔도뉴클레아제 단백질 [스트렙토코쿠스 피오게네스 SSI447]	SEQ ID NO: 55		
WP_002989955.1	다중: 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스]	SEQ ID NO: 56
WP_003030002.1	다중: 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스]	SEQ ID NO: 57
WP_003065552.1	다중: 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스]	SEQ ID NO: 58
WP_001040076.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 59
WP_001040078.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 60
WP_001040080.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 61
WP_001040081.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 62
WP_001040083.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 63
WP_001040085.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 64
WP_001040087.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 65
WP_001040088.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 66
WP_001040089.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 67
WP_001040090.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 68
WP_001040091.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 69
WP_001040092.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 70
WP_001040094.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 71
WP_001040095.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 72

WP_001040096.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 73
WP_001040097.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 74
WP_001040098.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 75
WP_001040099.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 76
WP_001040100.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 77
WP_001040104.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 78
WP_001040105.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 79
WP_001040106.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 80
WP_001040107.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 81
WP_001040108.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 82
WP_001040109.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 83
WP_001040110.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 84
WP_015058523.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 85
WP_017643650.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 86
WP_017647151.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 87
WP_017648376.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 88
WP_017649527.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 89
WP_017771611.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 90
WP_017771984.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 91
CFQ25032.1	CRISPR-연관 단백질 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 92
CFV16040.1	CRISPR-연관 단백질 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 93
KLJ37842.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 94
KLJ72361.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 95
KLJ20707.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 96

KL142645.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 97
WP_047207273.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 98
WP_047209694.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 99
WP_050198062.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 100
WP_050201642.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 101
WP_050204027.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 102
WP_050881965.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 103
WP_050886065.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에]	SEQ ID NO: 104
AHN30376.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에 138P]	SEQ ID NO: 105
EA078426.1	광상적혈구 결합 단백질 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에 H36B]	SEQ ID NO: 106
CCW42055.1	CRISPR-연관 단백질, SAG0894 페틸리 [스트렙토코쿠스 아갈락티아에 ILRI112]	SEQ ID NO:107
WP_003041502.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 안지노수스]	SEQ ID NO: 108
WP_037593752.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 안지노수스]	SEQ ID NO: 109
WP_049516684.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 안지노수스]	SEQ ID NO: 110
GAD46167.1	가설 단백질 ANGE_0662 [스트렙토코쿠스 안지노수스 T5]	SEQ ID NO: 111
WP_018363470.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 카발리]	SEQ ID NO: 112
WP_003043819.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 카나스]	SEQ ID NO: 113
WP_006269658.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 쿤스펠러투스]	SEQ ID NO: 114
WP_048800889.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 쿤스펠러투스]	SEQ ID NO: 115
WP_012767106.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 116
WP_014612333.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 117
WP_015017095.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 118
WP_015057649.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 119
WP_048327215.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 120

WP_049519324.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 디스갈락티아에]	SEQ ID NO: 121	
WP_012515931.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 에키]	SEQ ID NO: 122	
WP_021320964.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 에키]	SEQ ID NO: 123	
WP_037581760.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 에키]	SEQ ID NO: 124	
WP_004232481.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 에퀴누스]	SEQ ID NO: 125	
WP_009854540.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 갈롤리티쿠스]	SEQ ID NO: 126	
WP_012962174.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 갈롤리티쿠스]	SEQ ID NO: 127	
WP_039695303.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 갈롤리티쿠스]	SEQ ID NO: 128	
WP_014334983.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 인판타리우스]	SEQ ID NO: 129	
WP_003099269.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 이니아에]	SEQ ID NO: 130	
AHY15608.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 이니아에]	SEQ ID NO: 131	
AHY17476.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 이니아에]	SEQ ID NO: 132	
ESR09100.1	가설 단백질 IUSAI_08595 [스트렙토코쿠스 이니아에 IUSAI]	SEQ ID NO: 133	
AGM98575.1	CRISPR-연관 단백질 Cas9/Csn1, 하위유형 II/NMENT [스트렙토코쿠스 이니아에 SFI]	SEQ ID NO: 134	
ALF27331.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 인테르메디우스]	SEQ ID NO: 135	
WP_018372492.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 마실리엔시스]	SEQ ID NO: 136	
WP_045618028.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 미티스]	SEQ ID NO: 137	
WP_045635197.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 미티스]	SEQ ID NO: 138	
WP_002263549.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 139	
WP_002263887.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 140	
WP_002264920.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 141	
WP_002269043.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 142	
WP_002269448.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 143	
WP_002271977.1	유형 II CRISPR RNA-가이도된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 144	

WP_0022127266.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 143
WP_00221273241.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 145
WP_00221275430.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 146
WP_00221276448.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 147
WP_00221277050.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 148
WP_00221277364.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 149
WP_00221279025.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 150
WP_00221279859.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 151
WP_002280230.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 152
WP_002281696.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 153
WP_002282247.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 154
WP_0022822906.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 155
WP_002283846.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 156
WP_002287255.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 157
WP_002288990.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 158
WP_002289641.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 159
WP_002290427.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 160
WP_002295753.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 161
WP_002296423.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 162
WP_002304487.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 163
WP_002305844.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 164
WP_002307203.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 165
WP_002310390.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 166
WP_002352408.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[스트렙토코쿠스	뮤턴스]	SEQ ID NO: 167

WP_012997688.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 169
WP_014677909.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 170
WP_019312892.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 171
WP_019313659.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 172
WP_019314093.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 173
WP_019315370.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 174
WP_019803776.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 175
WP_019805234.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 176
WP_024783594.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 177
WP_024784288.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 178
WP_024784666.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 179
WP_024784894.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 180
WP_024786433.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 181
WP_049473442.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 182
WP_049474547.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 뮤탄스]	SEQ ID NO: 183
EMC03581.1	가설 단백질 SMT69_09359 [스트렙토코쿠스 뮤탄스 N1ML4]	SEQ ID NO: 184
WP_000428612.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 오랄리스]	SEQ ID NO: 185
WP_000428613.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 오랄리스]	SEQ ID NO: 186
WP_049523028.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 파라상카니스]	SEQ ID NO: 187
WP_003107102.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 파라우베리스]	SEQ ID NO: 188
WP_054279288.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 포카에]	SEQ ID NO: 189
WP_049531101.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 슈도뉴모니아에]	SEQ ID NO: 190
WP_049538452.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 슈도뉴모니아에]	SEQ ID NO: 191
WP_049549711.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 슈도뉴모니아에]	SEQ ID NO: 192

WP_007896501.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 슈도포르시누스] SEQ ID NO: 193
EFR44625.1	CRISPR-연관 단백질 [스트렙토코쿠스 슈도포르시누스 SPIN 20026] SEQ ID NO: 194
WP_002897477.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 상카니스] SEQ ID NO: 195
WP_002906454.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 상카니스] SEQ ID NO: 196
WP_009729476.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 중 F0441] SEQ ID NO: 197
CQR24647.1	CRISPR-연관 단백질 [스트렙토코쿠스 중 FF10] SEQ ID NO: 198
WP_000066813.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 중 M334] SEQ ID NO: 199
WP_009754323.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 중 박손 056] SEQ ID NO: 200
WP_044674937.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 수이스] SEQ ID NO: 201
WP_044676715.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 수이스] SEQ ID NO: 202
WP_044680361.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 수이스] SEQ ID NO: 203
WP_044681799.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [스트렙토코쿠스 수이스] SEQ ID NO: 204
WP_049533112.1	CRISPR-연관 단백질 Csn1 [스트렙토코쿠스 수이스] SEQ ID NO: 205
WP_029090905.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [보로코트릭스 셰모스콧타] SEQ ID NO: 206
WP_006506696.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [칸테니박테리움 미츠오카이] SEQ ID NO: 207
AIT42264.1	Cas9hc:NLS:HA [클로닝 벡터 pYB196] SEQ ID NO: 208
WP_034440723.1	유형 II CRISPR 엔도뉴클레아제 Cas9 [클로스트리디알레스 박테리움 S5-A11] SEQ ID NO: 209
AKQ21048.1	Cas9 [CRISPR-매개 유전자 포획 벡터 p(bhsp68-Cas9)] SEQ ID NO: 210
WP_004636532.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [돌로시그라눔 피그룸] SEQ ID NO: 211
WP_002364836.1	다중: 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스] SEQ ID NO: 212
WP_016631044.1	다중: 유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스] SEQ ID NO: 213
EMS75795.1	가설 단백질 H318_06676 [엔테로코쿠스 두린스 IPLA 655] SEQ ID NO: 214
WP_002373311.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스 파에칼리스] SEQ ID NO: 215
WP_002378009.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스 파에칼리스] SEQ ID NO: 216

WP_002407324.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 217
WP_002413717.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 218
WP_010775580.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 219
WP_010818269.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 220
WP_010824395.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 221
WP_016622645.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 222
WP_033624816.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 223
WP_033625576.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 224
WP_033789179.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에칼리스]	SEQ ID NO: 225
WP_002310644.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 226
WP_002312694.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 227
WP_002314015.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 228
WP_002320716.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 229
WP_002330729.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 230
WP_002335161.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 231
WP_002345439.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 232
WP_034867970.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 233
WP_047937432.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 파에시움]	SEQ ID NO: 234
WP_010720994.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 히라에]	SEQ ID NO: 235
WP_010737004.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 히라에]	SEQ ID NO: 236
WP_034700478.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 히라에]	SEQ ID NO: 237
WP_007209003.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 이탈리아]	SEQ ID NO: 238
WP_023519017.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 몬드티이]	SEQ ID NO: 239
WP_010770040.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된	엔도뉴클레아제	Cas9	[엔테로코쿠스 포에니칼리플라]	SEQ ID NO: 240

WP_048604708.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스 종 AM1] SEQ ID NO: 241
WP_010750235.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [엔테로코쿠스 필로룸] SEQ ID NO: 242
AI116583.1	Cas9 엔도뉴클레아제 [발현 벡터 pCas9] SEQ ID NO: 243
WP_029073316.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [칸드레리아 비폴리나] SEQ ID NO: 244
WP_031589969.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [칸드레리아 비폴리나] SEQ ID NO: 245
KDA45870.1	CRISPR-연관 단백질 Cas9/Csn1, 하위유형 II/NMEMI [락토바실루스 아나말리스] SEQ ID NO: 246
WP_039099354.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [락토바실루스 쿠르바투스] SEQ ID NO: 247
AKP02966.1	가설 단백질 ABB45_04605 [락토바실루스 파르시미나스] SEQ ID NO: 248
WP_010991369.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 이노쿠아] SEQ ID NO: 249
WP_033838504.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 이노쿠아] SEQ ID NO: 250
EHN60060.1	CRISPR-연관 단백질, Csn1 페밀리 [리스테리아 이노쿠아 ATCC 33091] SEQ ID NO: 251
EFR89594.1	crispr-연관 단백질, Csn1 페밀리 [리스테리아 이노쿠아 FSL S4-378] SEQ ID NO: 252
WP_038409211.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 이바노바이] SEQ ID NO: 253
EFR95520.1	crispr-연관 단백질 Csn1 [리스테리아 이바노바이 FSL F6-596] SEQ ID NO: 254
WP_003723650.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 255
WP_003727705.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 256
WP_003730785.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 257
WP_003733029.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 258
WP_003739838.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 259
WP_014601172.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 260
WP_023548323.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 261
WP_031665337.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 262
WP_031669209.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 263
WP_033920898.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 모노시토게네스] SEQ ID NO: 264

AKI42028.1	CRISPR-연관 단백질 [리스테리아 모노시토게네시스]	SEQ ID NO: 265
AKI50529.1	CRISPR-연관 단백질 [리스테리아 모노시토게네시스]	SEQ ID NO: 266
EFR83390.1	crispr-연관 단백질 Csn1 [리스테리아 모노시토게네시스 FSL F2-208]	SEQ ID NO: 267
WP_046323366.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [리스테리아 시리게리]	SEQ ID NO: 268
AKE81011.1	Cas9 [식물 멀티플렉스 게놈 에디팅 벡터 pYL-CRISPR/Cas9Publ-H]	SEQ ID NO: 269
CUO82355.1	박테리아 내에 보존된 비특정화된 단백질 [로세부리아 호미나스]	SEQ ID NO: 270
WP_033162887.1	유형 II CRISPR RNA-가이드된 엔도뉴클레아제 Cas9 [사르페아 아자부엔시스]	SEQ ID NO: 271
AGZ01981.1	Cas9 엔도뉴클레아제 [합성 구축물]	SEQ ID NO: 272
AKA60242.1	뉴클레아제 결핍 Cas9 [합성 구축물]	SEQ ID NO: 273
AKS40380.1	Cas9 [합성 플라스미드 pFC330]	SEQ ID NO: 274
4UN5_B	Cas9, 채 B, 결정 구조	SEQ ID NO: 275

[0313] 적합한 시토신 데아미나제 도메인의 비제한적 예가 제공된다.

인간 AID

MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLCYVVKRRDSATSFSLDFGYLRNKNKGCHVELLFLRYISDWD
LDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGPNLSLRIFTARLYFCEDRKAEPGLRRLHRAGVQIAIMT
FKDYFYCWNTFVENHERTFKAWEGHENSVRSLRQLRRILLPLYEVDDLRLDAFRTLGL (SEQ ID NO: 276)

마우스 AID

MDSLLMKQKFLYHFKNVRWAKGRHETLYCYVVKRRDSATSCSLDFGHLRNKSGCHVELLFLRYISDWD
LDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVAEFLRWPNLSLRIFTARLYFCEDRKAEPGLRRLHRAGVQIGIMT
FKDYFYCWNTFVENRERTFKAWEGHENSVRSLRQLRRILLPLYEVDDLRLDAFRMLGF (SEQ ID NO: 277)

개 AID

MDSLLMKQKFLYHFKNVRWAKGRHETLYCYVVKRRDSATSFSLDFGHLRNKSGCHVELLFLRYISDWD
LDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGYPNLSLRIFAARLYFCEDRKAEPGLRRLHRAGVQIAIMT
FKDYFYCWNTFVENREKTFKAWEGHENSVRSLRQLRRILLPLYEVDDLRLDAFRTLGL (SEQ ID NO: 278)

소 AID

MDSLLKKQRQFLYQFKNVRWAKGRHETLYCYVVKRRDSPTSFSLDFGHLRNKAGCHVELLFLRYISDWD
LDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGYPNLSLRIFTARLYFCDKERKAEPGLRRLHRAGVQIAIMT
TFKDYFYCWNTFVENHERTFKAWEGHENSVRSLRQLRRILLPLYEVDDLRLDAFRTLGL (SEQ ID NO:
279)

마우스 APOBEC-3

MGPFLGCSHRKCYSPIRNLISQETFKFHKNLGYAKGRKDTFLCYEVTRKDCDSPVSLHHGVFKNKDNIH
AEICFLYWFHDKVLKVLSPREEFKITWYMSWSPCFECAEQVLRFLATHHNLSLDIFSSRLYNVQDPETQQNL
CRLVQEGAQVAAMDLYEFKKCWKKFVDNGGRRFRPWKRLTNFRYQDSKLQEILRPCYIPVSSSSSTLSN
ICLTKGLPETRFCVEGRRMDPLSEEFYSQFYNQRVKHLCCYHMKPYLCYQLEQFNGQAPLKGCLLSEK
GKQHAELFLDKIRSMELSQVITTCYLTWSPCPNCAWQLAAFKRDRPDILHIYTSRLYFHWKRPQKGLCS
LWQSGILVDVMDLPQFTDCWTNFPNPKRPFWPWKGLEIISRRTRRLRRIKESWGLQDLVNDFGNLQLGP
PMS (SEQ ID NO: 280)

랫 APOBEC-3

MGPFLGCSHRKCYSPIRNLISQETFKFHKNLRYAIDRKDTFLCYEVTRKDCDSPVSLHHGVFKNKDNIHA
EICFLYWFHDKVLKVLSPREEFKITWYMSWSPCFECAEQVLRFLATHHNLSLDIFSSRLYNIRDPENQQNLC
RLVQEGAQVAAMDLYEFKKCWKKFVDNGGRRFRPWKLLTNFRYQDSKLQEILRPCYIPVSSSSSTLSNI
CLTKGLPETRFCVERRRVHLLSEEFYSQFYNQRVKHLCCYHGVKPYLCYQLEQFNGQAPLKGCLLSEK
KQHAELFLDKIRSMELSQVITTCYLTWSPCPNCAWQLAAFKRDRPDILHIYTSRLYFHWKRPQKGLCSL
WQSGILVDVMDLPQFTDCWTNFPNPKRPFWPWKGLEIISRRTRRLRRIKESWGLQDLVNDFGNLQLGPP
MS (SEQ ID NO: 281)

레스 마카크 APOBEC-3G

MVEPMDPRTFVSNFNNRILSGLNTVWLCCEVTKDPSGPPLDAKIFQGVYSKAKYHPEMRFLRWFKW
RQLHHDQEYKVTWYVSWSPCTRCANSVATFLAKDPKVTLTIFVARLYYFWKPDYQQALRILCQKRGGPH
ATMKIMNYNEFQDCWNKFVDGRGKPFKPRNNLPKHYYTLQATLGELLRHLMDPGTFTSNFNNKPWVSGQ

[0314]

HETYL CYKVERLHNDTWVPLNQHRGFLRNQAPNIHGFPKGRHAELCFLDLIPFWKLDGQQYRVTCTTSWS
PCFSCAQEMAKFISNNEHVSLCIFAARIYDDQGRYQEGRLALHRDGAKIAMMNYSEFEYCWDTFVDRQGR
PFQPWDGLDEHSQALSGRLRAI (SEQ ID NO: 282) (이탤릭체: 핵산 에디팅 도메인; 밑줄표시: 세포질
국제화 신호)

침팬지 APOBEC-3G

MKPHFRNPVERMYQDTFSDNFYNRPILSHRNTVWLCYEVKTKGPSRPPLDAKIFRGQVYSKLKYHPEMR
FHWFSKWRKLHRDQEYEVWYISWSPCTKCTRDVATFLAEDPKVTLTIFVARLYYFWDPDYQEALRSLCQ
KRDGPRATMKIMNYDEFQHCWSKFVYSQRELFEFEPWNNLPKYIILLHIMLGEILRHSMDDPTFTSNFNNELW
VRGRHETYL CYEVERLHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGRHAELCFLDVIPFWKLDLHQDYRVT
CTTSWSPCFSCAQEMAKFISNNKHVSLCIFAARIYDDQGRYQEGRLTLAKAGAKISIMTYSEFKHCWDTFV
DHQGCPPFPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN (SEQ ID NO: 283)

녹색 원숭이 APOBEC-3G

MNPQIRNMVEQMEPDIFVYFNNRPILSGRNTVWLCYEVKTKDPSGPPLDANIFQGKLYPEAKDHPKMF
HWRKWRQLHRDQEYEVWYISWSPCTRCANSVATFLAEDPKVTLTIFVARLYYFWKPDYQQALRLCQ
ERGGPHATMKIMNYNEFQHCWNEFVDGQGPFPKPRKNLPKHYTLHATLGEILRHVMDPTFTSNFNNK
PWVSGQRETYL CYKVERSHNDTWVLLNQHRGFLRNQAPDRHGFPGKGRHAELCFLDLIPFWKLDGQQYR
VTCTTSWSPCFSCAQEMAKFISNNKHVSLCIFAARIYDDQGRYQEGRLTLHRDGAKIAMMNYSEFEYCWDTF
VDRQGRFPFPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN (SEQ ID NO: 284)

인간 APOBEC-3G

MKPHFRNTVERMYRDTFSYNFYNRPILSRRNTVWLCYEVKTKGPSRPPLDAKIFRGQVYSELKYHPEMRFF
HWRKWRKLHRDQEYEVWYISWSPCTKCTRDVATFLAEDPKVTLTIFVARLYYFWKPDYQEALRSLCQ
KRDGPRATMKIMNYDEFQHCWSKFVYSQRELFEFEPWNNLPKYIILLHIMLGEILRHSMDDPTFTSNFNNK
VRGRHETYL CYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGRHAELCFLDVIPFWKLDLHQDYRVT
CTTSWSPCFSCAQEMAKFISNNKHVSLCIFTARIYDDQGRYQEGRLTLAEAGAKISIMTYSEFKHCWDTFV
DHQGCPPFPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN (SEQ ID NO: 285)

인간 APOBEC-3F

MKPHFRNTVERMYRDTFSYNFYNRPILSRRNTVWLCYEVKTKGPSRPPLDAKIFRGQVYSQPEHHAEMCF
LSWFCGNQLPAYKCFQITWVSWTPCPCVAKLAFLAEHPNVTLTISAARLYYYWERDYRRALCRLSQA
GARVKIMDDEEFAYCWENFVYSEGQPFMPWYKFDENY AFLHRTLKEILRNPMAMYPHIFYHFKNLRK
AYGRNESWLCFTMEVVKHHSPVSWKRGVFRNQVDPETHCHAERCFLSWFCDDILSPNTNYEVTWYTSWS
PCPECAGEVAEFLARHSNVNLTIFTARLYYFWDTDYQEGRLSLSQEGASVEIMGYKDFKYCWENFVYND
EPFKPWKGLKYNFLFLDSKLQEILE (SEQ ID NO: 286)

인간 APOBEC-3B

MNPQIRNPMERMYRDTFYDNFENEPILYGRSYTWLCYEVKIKGRSNLLWDTGVFRGQVYFKPQYHAEM
CFLSWFCGNQLPAYKCFQITWVSWTPCPCVAKLAFLAEHPNVTLTISAARLYYYWERDYRRALCRLSQA
AGARVTIMDYEEFAYCWENFVYNEGQPFMPWYKFDENY AFLHRTLKEILRYLMDPTFTSNFNNNDPLV
RRRQTYL CYEVERLDNGTWVLMQHMGLFCNEAKNLLCGFYGRHAELRFLDLVPSLQLDPAQIYRVTFW
ISWSPCFSWGCAGEVRAFLQENTHVRIRIFAARIYDYDPLYKEALQMLRDAGAQVSIMTYDEFECWDTF
VYRQGCPPFPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN (SEQ ID NO: 287)

인간 APOBEC-3C:

[0315]

MNPQIRNPMKAMYPGTFYFQFKNLWEANDRNETWLCFTVEGIKRRSVVSWKTGVFRNQVDSETHCHAER
CFLSWFCDDILSPNTKYQVTWYTSWSPCPCAGEVAEFLARHSNVNLTIFTARLYYFQYPCYQEGRLSLSQ
EGVAVEIMDYEDFKYCWENFVYNDNEPFKPKWGLKTNFRLKRRRLRESLQ (SEQ ID NO: 288)

인간 APOBEC-3A:

MEASPASGPRHLMDFHIFTSNFFNNGIGRHKTYLCYEVERLDNGTSVKMDQHRGFLHNQAKNLLCGFYGRH
AELRFLDLVPSLQLDPAQIYRVTFISWSPCFSWGCAGEVRAFLQENTHVRLRIFAARIYDYDPLYKEALQ
MLRDAGAQVSIMTYDEFKHCWDTFVDHQGCPFPQWDGLDEHSQALSGRLRAILQNQGN (SEQ ID NO:
289)

인간 APOBEC-3H:

MALLTAETFRLQFNNKRRRLRRPYYPKALLCYQLTPQNGSTPTRGYFENKKKCHAEICFINEIKSMGLDET
QCYQVTCYLTWSPCSCCAWELVDFIKAHDLNLGIFASRLYYHWCKPQQKGLRLLCGSQVPVEVMGFPKF
ADCWENFVDHEKPLSFNPYKMLEELDKNSRAIKRRRLERIKIPGVRAQGRYMDILCDAEV (SEQ ID NO:
290)

인간 APOBEC-3D

MNPQIRNPMERMYRDTFYDNFENEPILYGRSYTWLCYEVKIKRGRSNLLWDTGVFRGPVLPKRQSNHRQE
VYFRFENHAEMCFLSWFCGNRLPANRRFQITWVSWNPCLPCVVKVTKFLAEHPNVTLTISAARLYYYRD
RDWRWVLLRLHKAGARVKIMDYEDFAYCWENFVCNEGQPFMPWYKFDDNYASLHRTLKEILRNPMEAM
YPHIFYHFKNLLKACGRNESWLCFTMEVTKHSAVFRKRGVFRNQVDPETHCHAERCFLSWFCDDILSPN
TNYEVTWYTSWSPCECAGEVAEFLARHSNVNLTIFTARLCYFWDTDYQEGCLSLSQEGASVKIMGYKDF
VSCWKNFVYSDDEPFKPKWGLQTNFRLKRRRLREILQ (SEQ ID NO: 291)

인간 APOBEC-1

MTSEKGPSTGDPTRLRRRIEPWEFDVFYDPRELRKEACLLYEIKWGMRSKIWRSSGKNTTNHVEVNFIEKFTS
ERDFHPSMCSITWFLSWSPCWECSQAIREFLSRHPGVTLVIIYVARLFWHMDQQNRQGLRDLVNSGVTIQI
MRASEYYHCWRNFVNYPGDEAHWPQYPPLWMMLYALELHCILSLPCLKISRRWQNHLTFFRLHLQNC
HYQTIPPHILLATGLIHPSVAWR (SEQ ID NO: 292)

마우스 APOBEC-1

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSVWRHTSQNTSNHVEVNFLEKFTT
ERYFRPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRHPYVTLFIYIARLYHHTDQRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QEYCYCWRNFVNYPSPNEAYWPRYPHLWVKLYVLELYCIILGLPPCLKILRRKQPQLTFFTITLQTCHYQRI
PPHLLWATGLK (SEQ ID NO: 293)

랫 APOBEC-1

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNFVNYPSPNEAHWPRYPHLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNILRRKQPQLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLK (SEQ ID NO: 294)

페트로미존 마리누스(*Petromyzon marinus*) CDA1 (pmCDA1)

MTDAEYVRIHEKLDIYTFKKQFFNNKKSVSRCYVLFELKRRGERRACFWGYAVNKPQSGTERGIHAEIFS

[0316]

RKVEEYLDRDNPQFTINWYSSWSPCADCAEKILEWYNQELRGNGHTLKIWACKLYYEKNARNQIGLWNL
RDNGVGLNVMVSEHYQCCRKIFIQSSHNQLNENRWLEKTLKRAEKRRSELSIMIQVKILHTTKSPAV (SEQ
ID NO: 295)

인간 APOBEC3G D316R_D317R

MKPHFRNTVERMYRDTFSYNFYNRPILSRRNTVWLCYEYVTKGSPSRPPLDAKIFRGQVYSELKYHPEMRFF
HWFSKWRKLHRDQEYEVTVYISWSPCTKCTRDMAFLAEDPKVTLTIFVARLYYFWDPDYQEALRSLCQ
KRDGPRATMKIMNYDEFQHCWSKFVYSQRELFEPWNNLPKYIILLHIMLGEILRHSMDPPTFTFNFNNEPW
VRGRHETYLCEYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLGEGRHAELCFLDVIPFWKLDLDQDYRVT
CFTSWSPCFSCAQEMAKFISKNHVSLCIFTARIYRRQGRQCQEGRLTLAEAGAKISIMTYSEFKHCWDTFVD
HQGCPFPQWDGLDEHSQDLSGRLRAILQNQEN (SEQ ID NO: 296)

인간 APOBEC3G 쉼 A

MDPPTFTFNFNNEPWVRGRHETYLCEYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLGEGRHAELCFLDV
IPFWKLDLDQDYRVTCTFTSWSPCFSCAQEMAKFISKNHVSLCIFTARIYDDQGRQCQEGRLTLAEAGAKISI
MTYSEFKHCWDTFVDHQGCPFPQWDGLDEHSQDLSGRLRAILQ (SEQ ID NO: 297)

인간 APOBEC3G 쉼 A D120R_D121R

MDPPTFTFNFNNEPWVRGRHETYLCEYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLGEGRHAELCFLDV
IPFWKLDLDQDYRVTCTFTSWSPCFSCAQEMAKFISKNHVSLCIFTARIYRRQGRQCQEGRLTLAEAGAKISI
MTYSEFKHCWDTFVDHQGCPFPQWDGLDEHSQDLSGRLRAILQ (SEQ ID NO: 298)

[0317]

[0318]

비제한적인, 예시적인 우라실 글리코실라제 억제제 서열이 제공된다.

바실루스 파지 PBS2 (박테리오파지 PBS2) 우라실-DNA 글리코실라제 억제제

MTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQ
DSNGENKIKML (SEQ ID NO: 299)

에르위니아 타스마니엔시스(*Erwinia tasmaniensis*) SSB (열안정한 단일-가닥 DNA 결합
단백질)

MASRGVNKVLVGNLQGDPEVRYMPNGGAVANITLATESWRDKQTGETKEKTEWHRVVLFGKLAEVA
GEYLKRGSGVYIEGALQTRKWTDAQVEKYTTEVVVNVGGMQMLGGRSQGGGASAGGQNGGSNNGW
GQPQQPQGGNQFSGGAQQARPQQPQQNNAPANNEPIDFDDIP (SEQ ID NO: 300)

UdgX (DNA 내 우라실에 결합하지만 절제하지 않음)

MAGAQDFVPHTADLAELAAAAGECRGCGLYRDATQAVFGAGGRSARIMMIGEOPGDKEDLAGLPFVGPA
GRLLDRALEAADIDRDALYVTNAVVKHFKFTRAAGGKRRIHKTPSRTEVVACRPWLIAEMTSVEPDVVVLL
GATAAKALLGNDFRVTQHRGEVLHVDDVPGDPALVATVHPSSLLRGPKEERESAFAGLVDDL RVAADVR
P (SEQ ID NO: 301)

UDG (촉매적 불활성 인간 UDG, DNA 내 우라실에 결합하지만 절제하지 않음)

MIGQKTLYSFFSPSPARKRHAPSPEPAVQGTGVAGVPEESGDAAPAKKAPAGQEEPPTPPSSPLSAEQLD
RIQRNKAALLRLAARNVPVGFGESWKKHLSGEFGKPYFIKLMGFVAEERKHYYTVPPPHQVFTWTQMC
DIKDVKVVLGQEPYHGPNAHGLCFVQRPVPPPSLENIYKELSTDIEDFVHPGHGDLGSAKQGVLLLN
AVLTVRAHQANSHKERGWEQFTDAVVSWLNQNSNGLVFLWGSYAQKKGSAIDRKRRHVLQTAHPSPLS
VYRGFFGCRHFSKTNELLQKSGKPIDWKEL (SEQ ID NO: 302)

[0319]

[0320]

C에서 T로의 핵염기 에디터의 비제한적 예가 제공된다.

에스캐리키아 콜라이 발현을 위한 His₆-rAPOBEC1-XTEN-dCas9 (SEQ ID NO: 303)

MGSSHHHHHHMSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKH
VEVNFIEKFTTTERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLI
SSGVTIQMTEQESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCHILGLPPCLNLRKQPLTFTTI
ALQSCHYQRLPPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLG
NTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVE
EDKKHERHPHIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSTDKADLRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSD
VDKLFQILVQTYNQLFEEPNASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQSKDYYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY
DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNRE
DLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKS
EETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFL
SGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDKDFLDNEEN
EDILEDIVLTLTFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLK
SDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRH
KPNIVMARENQTTLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQTGGFSKESI
QELDINRLSDYDVDAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQR
KFDNLTAKERGGLSELDAKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKYYDVVRKMIKSEQEI GKATAKYF
FYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQTGGFSKESI
LPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLSVKELLGITIMERSSEKPNIDF
LEAGKYKEVKKDLIKLPKYSLEFELNGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDN
EQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

포유동물 발현을 위한 rAPOBEC1-XTEN-dCas9-NLS (SEQ ID NO: 304)

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQMTE
QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCHILGLPPCLNLRKQPLTFTTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKN
LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPHIF
GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSTDKADLRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFQILVQ
YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
QLSKDYYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEV
VDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLT
LFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPNIVMARE
NQTQKQKNSRERMRKRIEIEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
DVDAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTAKERG
GLSELDAKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVR
EINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKYYDVVRKMIKSEQEI GKATAKYFFYSNIMNFFKT
EITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAGKYKEVK
KDLIKLPKYSLEFELNGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQH
KHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
TSTKEVLDTLHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

포유동물 발현을 위한 hAPOBEC1-XTEN-dCas9-NLS (SEQ ID NO: 305)

[0321]

MTSEKGPSTGDPTRLRRRIEPWEFDVFYDPRELRKEACLLYEIKWGMSRKIWRSSGKNTTNHVEVNFIEKFTS
ERDFHPSMSCSITWFLSWSPCWECSQAIREFLSRHPGVTLVIYVARLFWHMDQQNRQGLRDLVNSGVTIQI
MRASEYYHCWRNFVNYPGDEAHWPQYPLWMLLYALELHCILSLPPCLKISRRWQNHLTFFRLHLQNC
HYQTIPPHILLATGLIHPSVAWRSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVL
GNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLV
EEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNS
DVDKLFQILVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNF
KSNFDLAEDAKLQLSKDQYDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKR
YDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNR
EDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFLKDNREKIEKILTRIPYVVGPLARGNSRFAWMTRK
SEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAF
LSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFL
KSDGFANRNFQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGR
HKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYV
DQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQ
RKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDF
RKDFKQYKVFREINNYHHADAYLNAVVGTALEIKKYPKLESEFYVGYDYKVDVRKMIKSEGEIGKATAK
YFFYSNIMNFFKTETITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSK
ESILPKRNSDKLIAARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFNPI
DFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLEFENGRKRLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPE
DNEQKQLFVEIIEQISEFSKRVILADANLKVLSAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA
FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

rAPOBEC1-XTEN-dCas9-UGI-NLS (SEQ ID NO: 306)

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNFVNYSNEAHWPYRPHLWVRLYVLELYCILGLPPCLNLRKQPOLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKN
LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPF
GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFQILVQ
YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
QLSKDQYDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
GSIHQIHLGELHAILRRQEDFYFLKDNREKIEKILTRIPYVVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEV
VDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLT
LFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARE
NQTQKGQKNSRERMKRIEKGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
DVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
GLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVEI
NNYHHADAYLNAVVGTALEIKKYPKLESEFYVGYDYKVDVRKMIKSEGEIGKATAK YFFYSNIMNFFKT
ETITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSKESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFNPIDFLEAKGYKEVK
KDLIIKLPKYSLEFENGRKRLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEQKQLFVEQH
KHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLKVLSAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
TSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVEEVIGNKPESD
ILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRV

rAPOBEC1-XTEN-Cas9 니카제-UGI-NLS (BE3, SEQ ID NO: 307)

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE

[0322]

QESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPOLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKN
LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEAMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIF
GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSSTDKADLRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQT
YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
QLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVV
VDKGASASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTITL
FEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFQM
LIHDDSLTFKEDIQAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMAREN
QTTQKGQKNSRERMKRIEIGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYD
VDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETROITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVRIN
NYHHAHDAYLNAVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTE
ITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSKESILPKRNSDKLIAR
KKDWDPPKKGFDSPVAVSVLVAKVEKGSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKK
DLIIKLPKYSLEFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYT
STKEVLDATLIHQSI TGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDI
LVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRV

pmCDA1-XTEN-dCas9-UGI (박테리아) (SEQ ID NO: 308)

MTDAEYVRIHEKLDIYTFKKQFFNNKKS VSHRCYVLFELKRRGERRACFWGYAVNKPQSGTERGIHAEIFSI
RKVEEYLRDNPQGFTINWYSSWSPCADCAEKILEWYNQELRGNGHTLKIWACKLYYEKNARNQIGLWNL
RDNGVGLNVMVSEHYQCCRKIFIQSSHNQLENRWLEKTLKRAEKRRSELSIMIQQVILHTTKSPAVSGSET
PGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEAT
RLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEAMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPT
IYHLRKKLVDSSTDKADLRLIYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTYNQLFEENPINASGV
DAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLL
LAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEI
FFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNNGSIPHQIHLGELHAIL
RRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASASQSFIERM
TNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTITLTFEDREMIEERLKY
AHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFQM LIHDDSLTFKEDIQK
AQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRER
MKRIEIGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSI
DNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRL
VETROITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAV
VGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIET
NGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKEVQTTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPPKKGFD
SPTVAVSVLVAKVEKGSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLEFELE
GRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKR
VLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSI
TGLYETRIDLSQLGGDSGGSMNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDILVHTAYDESTDEN
VMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKML

pmCDA1-XTEN-nCas9-UGI-NLS (포유동물 구축물) (SEQ ID NO: 309)

MTDAEYVRIHEKLDIYTFKKQFFNNKKS VSHRCYVLFELKRRGERRACFWGYAVNKPQSGTERGIHAEIFSI
RKVEEYLRDNPQGFTINWYSSWSPCADCAEKILEWYNQELRGNGHTLKIWACKLYYEKNARNQIGLWNL
RDNGVGLNVMVSEHYQCCRKIFIQSSHNQLENRWLEKTLKRAEKRRSELSIMIQQVILHTTKSPAVSGSET

[0323]

PGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEAT
RLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPT
IYHLRKKLVDSDDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFKLFQVLVQTYNQLFEEENPINASGV
DAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGFLGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLN
LAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEI
FFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAIL
RRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERM
TNFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKY
AHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRSLRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQK
AQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRER
MKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSI
DNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRQL
VETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAV
VGTALIKKYPKLESEFYGYDYKVDYVRKMIKSEGEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIET
NGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFD
SPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELEN
GRKRMLASAGELQKGNEALPSKYVNFYLYASHYEKLGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKR
VILADANLKDVLKLSAYNKHDKPIREQAENIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDAATLIHQSI
TGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDILVHTAYDESTDEN
MLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKRKV

huAPOBEC3G-XTEN-dCas9-UGI (박테리아) (SEQ ID NO: 310)

MDPPTFTFNFNNEPWVRGRHETYLCEYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGRHAELCFLDV
IPFWKLDLDQDYRVTCFTSWSPCFSCAQEMAKFISKKNKHVSLCIFTARIYDDQGRCEGLRTLAEAGAKISI
MTYSEFKHCWDTFVDHQCPFPWDGLDEHSQDLSGRLRAILQSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIF
SNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSDDKADLRLIYLAL
AHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFKLFQVLVQTYNQLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLP
EKKNGFLGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL
SDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYK
FIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIP
YYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFT
VYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNAS
LGTYHDLKKIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR
LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAIC
KGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQ
LQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEV
VKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDE
NDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFYGYDYK
YDVRKMIKSEGEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL
SMPQVNVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKL
KSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNEALPS
KYVNFYLYASHYEKLGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVLKLSAYNKHDKPI
REQAENIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDAATLIHQSI
TGLYETRIDLSQLGGDSGGSMNTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDILVHTAYDESTDEN
MLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKML

huAPOBEC3G-XTEN-nCas9-UGI-NLS (포유동물 구축물) (SEQ ID NO: 311)

MDPPTFTFNFNNEPWVRGRHETYLCEYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGRHAELCFLDV
IPFWKLDLDQDYRVTCFTSWSPCFSCAQEMAKFISKKNKHVSLCIFTARIYDDQGRCEGLRTLAEAGAKISI
MTYSEFKHCWDTFVDHQCPFPWDGLDEHSQDLSGRLRAILQSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIF

[0324]

SNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRILIYAL
AHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPG
EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSAAILL
SDILRVNTEITKAPLSAMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYK
FIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIP
YYVGPLARGNSRFPAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFT
VYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNAS
LGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR
LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAK
KGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQLKEHPVENTQ
LQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEV
VKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDE
NDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKV
YDVRKMIKSEQIEGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL
SMPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKL
KSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLEENGKRKMLASAGELQKGNELALPS
KYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKHDKPI
REQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLS
DIEKETGKQLVIQESILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGE
NKIKMLSGGSPKKKKRV

huAPOBEC3G (D316R_D317R)-XTEN-nCas9-UGI-NLS (포유동물 구축물) (SEQ ID NO:
312)

MDPPTFTFNFNNEPWWGRGHETYLCYEVERMHNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGRHAELCFLDV
IPFWKLDLDQDYRVCTFSWSPCFSCAQEMAKFISKKNHVSCLIFTARIYRRQGRQCQGLRTLAEAGAKISI
MTYSEFKHCWDTFVDHQGCPFPWDGLDEHSQDLSGRLRAILQSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVIDTEYKVPKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIF
SNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRILIYAL
AHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPG
EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSAAILL
SDILRVNTEITKAPLSAMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYK
FIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIP
YYVGPLARGNSRFPAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFT
VYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNAS
LGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR
LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAK
KGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQLKEHPVENTQ
LQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEV
VKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDE
NDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKV
YDVRKMIKSEQIEGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL
SMPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKL
KSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLEENGKRKMLASAGELQKGNELALPS
KYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKHDKPI
REQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLS
DIEKETGKQLVIQESILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGE
NKIKMLSGGSPKKKKRV

고충실도 핵염기 에디터 (SEQ ID NO: 313)

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKRETCCLYEINWGGRHISWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTFLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE

[0325]

QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPOLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWA VITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKN
LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLLEESFLVEEDKKHERHPIF
GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSSTDKADLRLLYLAALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQT
YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
QLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEV
VDKGASASQSFIERMTAFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLT
LFEDREMIEERLKYAHLFFDDKVMKQLKRRRYTGWALSRLKINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
ALIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVEMARE
NQTTQKGQKNSRERMKRIEIEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
DVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGSNDVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
GLSELDAKAGFIKRLVETRAITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVVRE
NNYHHAHDALYNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKT
EITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPMPQVNVKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEKGSKKLLSVKELLGITIMERSSEFNPIDFLEAKGYKEVK
KDLIIKLPKYSLEFELNGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQQLFVEQH
KHYLDEIIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
TSTKEVLDTLHQITGLYETRIDLSQLGGD

rAPOBEC1-XTEN-SaCas9n-UGI-NLS)

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKTCCLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPOLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESKRNILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGR
RSKRGARLRKRRRRHRIQVRKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSSEEFSAALLHLAKRRGV
HNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNKALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTSYVKEAKQLLKVOK
AYHOLDQSFIDTYIDLETRRTYYEGPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNA
LNDLNNL VITRDENEKLEYEYKFOIENVFQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRTSTGKPEFTNLKVYH
DIKDITARKEIENAEALLDQIAKILTIYOSSEDIQEELTNLSELTOEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDE
LWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVVDLSQOKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYGLPNDIIELARE
KNSKDAQKMINEMQKRNROTNERIEEIRTTGKENAKYLIIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNPNFY
EVDHIIIPRSVSFDNSFNKVLVKQEEASKKGNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYL
LEERDINRFSVQKDFINRLYDTRYATRGLMNLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWFKKERNK
GYKHAEDALIANADFIKWKLDKAKKVMENOMFEEKQAESMPEIETEQEYKEIFITPHOIKHIKDFKD
YKYSHRVDKPNRELINDTLYSTRKDDKNTLIVNNLNGLYDKDNDKLLKLINKSPEKLLMYHHPDQTYQ
KLKLIMEQYGDEKNPLYKYEETGNLYTKYSKKNNGPVIKKIYYGNKLNHLDDITDDYPNSRNKVVKLS
LKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLVDVIKENYEVNSKCYEEAKKLLKISNQAEFIASFYNNDLIKINGELY
RVIGVNNDDLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPRIIKTIASKTOSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG
SGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWAL
VIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKKRV (SEQ ID NO: 399)

rAPOBEC1-XTEN-SaCas9n-UGI-NLS

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKTCCLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPOLTFFTIALQSCHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESKRNILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGR
RSKRGARLRKRRRRHRIQVRKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSSEEFSAALLHLAKRRGV
HNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNKALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTSYVKEAKQLLKVOK
AYHOLDQSFIDTYIDLETRRTYYEGPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNA
LNDLNNL VITRDENEKLEYEYKFOIENVFQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRTSTGKPEFTNLKVYH
DIKDITARKEIENAEALLDQIAKILTIYOSSEDIQEELTNLSELTOEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDE
LWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVVDLSQOKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIKKYGLPNDIIELARE

[0326]

KNSKDAQMINEMOKRNRROTNERIEEIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNPNFY
 EVDHIIPRSVSFDNSFNKVLVKQEEASKKGNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYL
 LEERDINRFSVQKDFINRNLVDTRYATRGLMNLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWFKKERNK
 GYKHAEDALIINANADFIFKEWKLDKAKKVMENQMFEKQAESMPEIETEQEYKEIFITPHOIKHIKDFKD
 YKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDKDNDKLLKLINKSPEKLLMYHDPQTYQ
 KLKLIMEQYGDEKNPLYKYEETGNYLTKYSKKDNPGVIKKIKYYGNKLNHLDDITDDYPNSRNKVVKLS
 LKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLVDVIKENYVEVNSKCYEEAKKLLKISNQAEFIASFYKNDLIKINGELY
 RVIGVNNDLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPP//IIKTIASKTOSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG
 SGGSTNLSDIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWAL
 VIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRKV (SEQ ID NO: 400)

핵염기 에디터 4-SSB

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPEHEFVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
 ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
 QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQKQPLTFTTIALQSCHYQRL
 PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKN
 LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIF
 GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRILIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQT
 YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFKNFDLAEDAKL
 QLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLK
 ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
 GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEFV
 VDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIHKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLT
 LFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
 QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENVIEMARE
 NQTTQKGQKNSRERMKRIEIEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
 DVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
 GLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILD SRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREI
 NNYHHAHDAYLNAVVGTALEKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKT
 EITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTETVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
 RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKLSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVK
 KDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQH
 KHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
 TSTKEVLDATLIHQSTIGLYETRIDLSQLGGDSGGSGGSGSASRGVNVILVGNLGGDPEVRYPMPNGGAV
 ANITLATSESWRDKATGEMKEQTEWHRVVLFGKLAEVASEYLRKGSQVYIEGQLRTRKWTDSQSGQDRYT
 TEVVVVNVGGTQMQLGGRQGGGAPAGGNIGGGQPQGGWGQPPQPPQGGNQFSGGAQSRPQQAAPSNE
 PPMDFDDDIPFSGGSPKKKRKV (SEQ ID NO: 401)

핵염기 에디터 4-(GGS)₃

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPEHEFVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
 ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
 QESGYCWRNRFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQKQPLTFTTIALQSCHYQRL
 PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKN
 LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIF
 GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRILIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQT
 YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFKNFDLAEDAKL
 QLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLK
 ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDN
 GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEFV
 VDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIHKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLT
 LFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF

[0327]

QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARE
 NQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
 DVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKMNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
 GLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREI
 NNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKT
 EITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK VLSMPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
 RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVK
 KDIIKLPKYSLEFELNGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQH
 KHYLDEIIQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHARDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
 TSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGSGSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEVIG
 NKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRKV (SEQ ID NO:
 402)

핵염기 에디터 4-XTEN

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
 ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
 QESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPKLTFTTIALQSCHYQRL
 PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKN
 LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIF
 GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFLQVLT
 YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
 QLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
 ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKNREDLLRKQRTFDN
 GSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEV
 VDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLT
 LFEDREMIEERLKTYYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDFANRNF
 QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARE
 NQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
 DVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKMNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
 GLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREI
 NNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKT
 EITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK VLSMPQVNIKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
 RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVK
 KDIIKLPKYSLEFELNGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQH
 KHYLDEIIQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHARDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
 TSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGSETPGTSESATPESTNLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEE
 VEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRKV (SEQ
 ID NO: 403)

핵염기 에디터 4-32aa 링커

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
 ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
 QESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPYPHLLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPKLTFTTIALQSCHYQRL
 PPHILWATGLKSGSGSGSGSETPGTSESATPESSGSGSGSDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSSKK
 FVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSE
 SFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLN
 PDNSDVDFLQVLTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGL
 TPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS
 MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLV
 KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAW
 MTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGM

[0328]

RKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDF
LDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGK
TILDFLKSDGFAANRNMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVK
VMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGR
DMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLRSDKNRGKSDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNA
KLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKS
LVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTETLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTG
GFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSE
KNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLK
GSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLNLG
APAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSIIIEKETGKQLVIQESIL
MLPEEVVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRK
V (SEQ ID NO: 404)

핵염기 에디터 4-2X UGI

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPYPHYLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPKLTFTTIALQSGHYQRL
PPHILWATGLKSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKN
LIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPF
GNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSDTDKADLRILIYLAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQT
YNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKL
QLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLK
ALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKNREDLLRKQRTFDN
GSIPIHQLHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEV
VDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKDTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLT
LFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFAANRNM
QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARE
NQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDY
DVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLRSDKNRGKSDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERG
GLSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYKVREI
NNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKT
ETLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTGGFSGESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKNPIDFLEAKGYKEV
KDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKSPEDNEQKQLFVEQH
KHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDRKRY
TSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSIIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEEVIGNKPESD
ILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSTNLSIIIEKETGKQLVIQESILMLP
EEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRKV
(SEQ ID NO: 405)

핵염기 에디터 4

MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELKRETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNKHVEVNFIEKFTT
ERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHHADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTE
QESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPYPHYLWVRLYVLELYCIILGLPPCLNLRKQPKLTFTTIALQSGHYQRL
PPHILWATGLKSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKK
FKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSE
SFLVEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVSDTDKADLRILIYLAHMIKFRGHFLIEGDLN
PDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGL
TPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS
MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLV

[0329]

KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAW
MTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGM
RKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDF
LDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGK
TILDFLKSDGFAANRNMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDELVK
VMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGR
DMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLRSDKNRGKSDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNA
KLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKS
LVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTETLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQTG
GFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSE
KNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLK
GSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLNLG
APAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSGGGSTNLSIIIEKETGKQ
LVIQESILMLPEEVVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGG
SGSGGSTNLSIIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMMLTSDAPEYKP
WALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKKRKV (SEQ ID NO: 406)

[0330]

[0331] DNA를 기질로서 수용하는 진화된 아데노신 데아미나제의 비제한적인 예가 제공된다.

ecTadA
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 314)

ecTadA (D108N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 315)

ecTadA (D108G)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARQAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 316)

ecTadA (D108V)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 317)

ecTadA (H8Y, D108N, N127S)
SEVEFSY^YEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGM^SHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 318)

ecTadA (H8Y, D108N, N127S, E155D)
SEVEFSY^YEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGM^SHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQ^DIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 319)

ecTadA (H8Y, D108N, N127S, E155G)
SEVEFSY^YEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGM^SHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQ^GIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 320)

ecTadA (H8Y, D108N, N127S, E155V)
SEVEFSY^YEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGM^SHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQ^VIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 321)

ecTadA (A106V, D108N, D147Y, 및 E155V)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGY^RNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSY^FFRMRRQ^VIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 322)

ecTadA (A106V, D108N, D147Y, 및 E155V)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGY^RNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSY^FFRMRRQ^VIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 407)

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVT^FEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGY^RNAKTGAAGSLMDVLHY^PGMNHRVEITEGILAD

[0332]

ECAALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 408)

ecTadA (S2A, I49F, A106V, D108N, D147Y, E155V)
AEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPFGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
 ECAALLSYFFRMRRQVKIAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 409)

ecTadA (H8Y, A106T, D108N, N127S, K160S)
 SEVEFSYEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGTRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMSHRVEITEGILAD
 ECAALLSDFRMRRQEIKASKAQSSTD (SEQ ID NO: 410)

ecTadA (R26G, L84F, A106V, R107H, D108N, H123Y, A142N, A143D, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEGEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVHNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNDLLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 411)

ecTadA (E25G, R26G, L84F, A106V, R107H, D108N, H123Y, A142N, A143D, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDGEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVHNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNDLLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 412)

ecTadA (E25D, R26G, L84F, A106V, R107K, D108N, H123Y, A142N, A143G, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDDGEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVKNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNGLLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 413)

ecTadA (R26Q, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEQEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 414)

ecTadA (E25M, R26G, L84F, A106V, R107P, D108N, H123Y, A142N, A143D, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDMGEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVPNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNDLLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 415)

ecTadA (R26C, L84F, A106V, R107H, D108N, H123Y, A142N, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDECEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVHNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 416)

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, A143L, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNL~~L~~LSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 417)

ecTadA (R26G, L84F, A106V, D108N, H123Y, A142N, D147Y, E155V, I156F)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEGEVPGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
 ECNALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 418)

ecTadA (R51H, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F, K157N)
 SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGHHDPTAHAEIMALRQGGLV
 MQNYRLIDATLYVTFEPVCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD

[0333]

ECAALLSYFFMRMRQVFNAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 419)

ecTadA (E25A, R26G, L84F, A106V, R107N, D108N, H123Y, A142N, A143E, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDAGEVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECNELLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 420)

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 421)

ecTadA (N37T, P48T, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHTNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 422)

ecTadA (N37S, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHSNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 423)

ecTadA (H36L, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 424)

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, S146R, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 425)

ecTadA (H36L, P48L, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 426)

ecTadA (H36L, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, K57N, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLSYFFMRMRQVFNAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 427)

ecTadA (H36L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNVRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVNRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLCYFFMRMRQVFKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 428)

[0334]

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, S146R, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVT~~E~~EPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGV~~R~~NAKTGAAGSLMDVLH~~Y~~PGMNHRVEITEGILAD
ECAALL~~R~~YFFRMRRQ~~V~~FKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 429)

ecTadA (N37S, R51H, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVH~~S~~NRVIGEGWNRPIGHHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVT~~E~~EPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGV~~R~~NAKTGAAGSLMDVLH~~Y~~PGMNHRVEITEGILADE
CAALL~~S~~YFFRMRRQ~~V~~FKAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 430)

ecTadA (R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F, K157N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGLHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVT~~E~~EPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGV~~R~~NAKTGAAGSLMDVLH~~Y~~PGMNHRVEITEGILAD
ECAALL~~S~~YFFRMRRQ~~V~~F~~N~~AQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 431)

saTadA (wt)
MGSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQLGEVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGS
WRLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGADDPKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEACS
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 432)

saTadA (D108N)
GSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQLGEVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGSW
RLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGAD~~N~~PKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEACST
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 433)

saTadA (D107A_D108N)
GSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQLGEVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGSW
RLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGAA~~N~~PKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEACST
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 434)

saTadA (G26P_D107A_D108N)
GSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQL~~P~~EVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGSW
RLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGAA~~N~~PKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEACST
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 435)

saTadA (G26P_D107A_D108N_S142A)
GSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQL~~P~~EVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGSW
RLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGAA~~N~~PKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEAC~~A~~T
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 436)

saTadA (D107A_D108N_S142A)
GSHMTNDIYFMTLAI~~E~~EAKKAAQLGEVPIGAITKDDEVIA~~R~~AHNLRETLQQPTAHAEHIAIERAAKVLGSW
RLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGAA~~N~~PKGGCSGSLMNLLQQSNFNHRAIVDKGVLKEAC~~A~~T
LLTTFFKNLNRANKKSTN (SEQ ID NO: 437)

ecTadA (P48S)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNR~~S~~IGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLS~~D~~FFRMRRQ~~E~~KAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 438)

ecTadA (P48T)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNR~~T~~IGRHDPTAHAEIMALRQGGLV

[0335]

MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 439)

ecTadA (P48A)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRAIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 440)

ecTadA (A142N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECNALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 441)

ecTadA (W23R)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRARDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADE
CAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 442)

ecTadA (W23L)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADE
CAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 443)

ecTadA (R152P)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMPRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 444)

ecTadA (R152H)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSDFFRMHRQEIKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 445)

ecTadA (L84F, A106V, D108N, H123Y, D147Y, E155V, I156F)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 446)

ecTadA (H36L, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F, K157N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNNRVIGEGWNRPIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLCYFFRMRRQVFNAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 447)

ecTadA (H36L, P48S, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F, K157N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNNRVIGEGWNRSIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLCYFFRMRRQVFNAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 448)

ecTadA (H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, E155V, I156F, K157N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVLNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLV
MQNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILAD
ECAALLCYFFRMRRQVFNAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 449)

ecTadA (W23L, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F, K157N)

SEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLVNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLCYFFRMPRQVFNAQKKAQSSTD (SEQ ID NO: 450)
ecTadA (W23R, H36L, P48A, R51L, L84F, A106V, D108N, H123Y, S146C, D147Y, R152P, E155V, I156F,
K157N)
SEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLVNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVM
QNYRLIDATLYVTFEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADE
CAALLCYFFRMPRQVFNAQKKAQSSTD
(SEQ ID NO: 479)

스타펠로코쿠스 아우레우스 TadA:
MGSHMTNDIYFMTLAIEEAKKAAQLGEVPIGAIITKDDEVIARAHNLRETQQPTAHAEHIAIERAAKVLGS
WRLEGCTLYVTLEPCVMCAGTIVMSRIPRVVYGADDPKGGCSGSLMNLQSQSNFNHRAIVDKGVLKEACS
TLLTTFKLNLRANKKSTN (SEQ ID NO: 451)

바실루스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*) TadA:
MTQDELYMKEAIKEAKKAEKGEVPIGAVLVINGEIIARAHNLRETEQRSIAHAEMLVID
EACKALGTWRLEGATLYVTLEPCVMCAGAVVLSRVEKVVFGAFDPKGGCSGTLMLNLLQEERFNHQAEEV
SGVLEECCGGMLSAFFRELRRKKKAARKNLSE (SEQ ID NO: 452)

살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*) (에스. 티피무리움) TadA:
MPPAFITGVTSLSDVELDHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNHRVIGEGWNRPIGRHDPTAHA
EIMALRQGGLVLQNYRLDITLYVTLEPCVMCAGAMVHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLIDVLHHPGMN
HRVEIIEGVLRDECATLLSDFFRMRQEIKALKKADRAEGAGPAV (SEQ ID NO: 453)

슈와넬라 푸트레파시엔스(*Shewanella putrefaciens*) (에스. 푸트레파시엔스) TadA:
MDEYWMQVAMQMAEKAEEAGEVPVGAVLVKDGQIATGYNLSISQHDPTAHAEILCLRSAGKKLENYR
LLDATLYITLEPCAMCAGAMVHSRIARVVYGARDEKTGAAGTVVNLQHPAFNHQVEVTSGVLAECSEA
QLSRFFKRRRDEKKALKLAQRAQQGIE (SEQ ID NO: 454)

헤모필루스 인플루엔자에(*Haemophilus influenzae*) F3031 (에이치. 인플루엔자에) TadA:
MDAAKVRSEFDEKMMRYALELADKAEALGEIPVGAVLVDDARNIIGEGWNLSIVQSDPTAHAEIALRNG
AKNIQNYRLNSTLYVTLEPCTMCAGAILHSRIKRLVFGASDYKTGAIGSRFHFFDDYKMNHTLEITSGVLA
EECSQKLSTFFQKRREEKKIEKALLKSLSDK (SEQ ID NO: 455)

카울로박터 크레스센투스(*Caulobacter crescentus*) (씨. 크레스센투스) TadA:
MRTDESEDQDHRMMRLALDAARAAAEAGETPVGAVILDPSTGEVIATAGNGPIAAHDPTAHAEIAAMRA
AAAKLGNRYRLTDLTLVTLEPCAMCAGAISHARIGRVVFGADDPKGGAVVHGPKEFAQPTCHWRPEVTG
GVLADESADLLRGFFRARRKAKI (SEQ ID NO: 456)

게오박터 숄푸레두센스(*Geobacter sulfurreducens*) (지. 숄푸레두센스) TadA:
MSSLKKTPIRDDAYWMGKAIREAAKAAARDEVPIGAVIVRDGAVIGRGHNLREGSNDPSAHAEMIAIRQA
ARRSANWRLTGATLYVTLEPCLMCMGAILARLERVVFGCYDPKGGAGSLYDLSADPRLNHQVRLSPGV
CQEECGTMLSDFFRDLRRRKAKATPALFIDERKVPPEP (SEQ ID NO: 457)

[0337]

[0338] A에서 G로의 핵염기 에디터의 비제한적 예가 제공된다.

ecTadA(wt)-XTEN-nCas9-NLS (SEQ ID NO: 323)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLKDVL SAYNKHHRDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-NLS: (포유동물 구축물, DNA 상에서 활성, A에서 G로의
에디팅, SEQ ID NO: 324)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLKDVL SAYNKHHRDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

[0339]

ecTadA(D108G)-XTEN-nCas9-NLS: (포유동물 구축물, DNA 상에서 활성, A에서 G로의 에디팅, SEQ ID NO:325)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARGAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLLKDNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKYYDVVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKYYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEHIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

ecTadA(D108V)-XTEN-nCas9-NLS: (포유동물 구축물, DNA 상에서 활성, A에서 G로의 에디팅, SEQ ID NO: 326)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLLKDNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKYYDVVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKYYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEHIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

[0340]

ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-UGI-NLS (A에서 G로의 에디터의 BE3 유사체, SEQ ID NO: 327)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRQEIKAKKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRILIYALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFGANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDV DHI V PQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFNDLTKAERGGSELDDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYK VREINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYK VYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKH RDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTIDRRKRYTSTKEVLDATLIHQSI TGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQE
SILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108G)-XTEN-nCas9-UGI-NLS (A에서 G로의 에디터의 BE3 유사체, SEQ ID NO: 328):

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARGAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRQEIKAKKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRILIYALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFGANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDV DHI V PQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFNDLTKAERGGSELDDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYK VREINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYK VYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKH RDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTIDRRKRYTSTKEVLDATLIHQSI TGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQE

[0341]

SILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108V)-XTEN-nCas9-UGI-NLS (A에서 G로의 에디터의 BE3 유사체, SEQ ID NO:
329):

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYVVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSEL DKA GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVEINNYYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVVAKEKGSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKH RDKPIREQAENIHLFLTNT
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQE
SILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108N)-XTEN-dCas9-UGI-NLS (포유동물 세포, A에서 G로의 에디터의 BE2
유사체, SEQ ID NO: 330):

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYVVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSEL DKA GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVEINNYYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ

[0342]

TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFFSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQE
SILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108G)-XTEN-dCas9-UGI-NLS (포유동물 세포, A에서 G로의 에디터의 BE2

유사체, SEQ ID NO: 331):

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARGAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDAKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFFSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSDIIEKETGKQLVIQE
SILMLPEEVEEVIGNKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGENKIKMLSGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108V)-XTEN-dCas9-UGI-NLS (포유동물 세포, A에서 G로의 에디터의 BE2

유사체, SEQ ID NO: 332):

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN

[0343]

GRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKQQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVVAKEKGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSTNLSIIIEKETGKQLVIQE
SILMLPEEVVEEVGNKPESDILVHTAYDESTDENVMILLTSDAPEYKPPWALVIQDSNGENKIKM
LSGGSPKKKRRKV

ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-AAG(E125Q)-NLS - 촉매적 알킬아테노신 글리코실라제

(SEQ ID NO: 333)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSITDKADLRLLIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDFKFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQHILGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYVYVPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEKGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKQQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVVAKEKGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSKGHLTRLGLEFFDQPAVP
LARAFLGQVLVRRPLNGTELGRIVETQAYLGPEDAAHSRGGRQTPRNRGMFMKPGTLYVYIHYGMYFC
MNISSQGDGACVLLRALEPLEGLETMRQLRSTLRKGTASRVLKDRELCSGPSKLCQALAINKSFDQRDLAQ
DEAVWLERGLEPSEPAPVAAAARVGVGHAGEWARKPLRFYVRGSPWVSVVDRVAEQDTQASGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108G)-XTEN-nCas9-AAG(E125Q)-NLS - 촉매적 알킬아테노신 글리코실라제

(SEQ ID NO: 334)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARGAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSITDKADLRLLIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDFKFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL

[0344]

LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDQKS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSGKHLTRLGLEFFDQPAVP
LARAFLGQVLRRLPNGTELGRIVETQAYLGPEDAAHSRGGRTPRNRGMFMKPGTLYVYIIYGMFYFC
MNISSQGDGACVLLRALEPLEGLETMRQLRSTLRKGTASRVLKDRELCGSPSKLCQALAINKSFQDRDLAQ
DEAVWLERGPLEPSEPAVVAAARVGVGHAGEWARKPLRFYVRGSPWVSVVDRVAEQDTQASGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108V)-XTEN-nCas9-AAG(E125Q)-NLS - 촉매적 알킬아테노신 글리코실라제
(SEQ ID NO: 335)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHHR
LEESFLVEEDKKHERHPFIGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSVDKFLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKDYYDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDQKS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNIIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIITGLYETRIDLSQLGGDSGGSGKHLTRLGLEFFDQPAVP
LARAFLGQVLRRLPNGTELGRIVETQAYLGPEDAAHSRGGRTPRNRGMFMKPGTLYVYIIYGMFYFC
MNISSQGDGACVLLRALEPLEGLETMRQLRSTLRKGTASRVLKDRELCGSPSKLCQALAINKSFQDRDLAQ
DEAVWLERGPLEPSEPAVVAAARVGVGHAGEWARKPLRFYVRGSPWVSVVDRVAEQDTQASGGSPKKK
RKV

ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-엔도V(D35A)-NLS: 촉매적 엔도뉴클레아제 V 함유 (SEQ ID
NO: 336)

[0345]

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSDDKADLRLLIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEDEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSAGEQKKAIVDILLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFGANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYYHHAHDAYLNAVVGTALEKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARCKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEKGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLTKVLSAYNKHHRDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYSSTKEVLDTLHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSDLASLRAQQIELASSVIRE
DRLDKDPDLIAGAAVGFEGGGEVTRAAMVLLKYPSLELVEYKVARIATMPYIPGFLSFREYPALLAAWE
MLSQKPDLVFVDGHGISHPRRLGVASHFGLLVDPVTIGVAKKRLCGKFEPLSSEPGALAPLMDKGEQLAW
VWRSKARCNPFIATGHRVSVDSALAWVQRCMKGYRLPEPTRWADAVASERPAFVRYTANQPSGGSPKK
KRVK

ecTadA(D108G)-XTEN-nCas9-엔도V (D35A)-NLS: 촉매적 엔도뉴클레아제 V 함유 (SEQ
ID NO: 337)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARGAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSDDKADLRLLIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEDEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSAGEQKKAIVDILLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDFGANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQDLSLHEHIANLAGSPAICKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYYHHAHDAYLNAVVGTALEKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQVNVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARCKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEKGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLTKVLSAYNKHHRDKPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYSSTKEVLDTLHQISITGLYETRIDLSQLGGDSGGSDLASLRAQQIELASSVIRE
DRLDKDPDLIAGAAVGFEGGGEVTRAAMVLLKYPSLELVEYKVARIATMPYIPGFLSFREYPALLAAWE
MLSQKPDLVFVDGHGISHPRRLGVASHFGLLVDPVTIGVAKKRLCGKFEPLSSEPGALAPLMDKGEQLAW

[0346]

VWRSKARCNPLFIATGHRVSVDSALAWVQRCMKGYRLPEPTRWADAVASERPAFVRYTANQPSGGSPKK
KRKV

ecTadA(D108V)-XTEN-nCas9-엔도V(D35A)-NLS: 촉매적 엔도뉴클레아제 V 함유 (SEQ ID
NO: 338)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARVAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLA LAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLF LA AKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVEINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQUEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRLPIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEKGSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKH RD KPIREQAENIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSI TGLYETRIDLSQLGGDSGGSDLASLRAQQIELASSVIRE
DRLDKDPPDLIAGAAVGFEEQGGEVTRAAMVLLKYPSELVEYKVARIAATTMPYIPGFLSFREYPALLAAWE
MLSKPDLVYFVDGHGISHPRRLGVASHFGLLVDPVTIGVAKKRLCGKFEPLSSEPGALAPLMDKGEQLAW
VWRSKARCNPLFIATGHRVSVDSALAWVQRCMKGYRLPEPTRWADAVASERPAFVRYTANQPSGGSPKK
KRKV

진화 (박테리아 내)의 제1 라운드로부터 생성된 변이체 ecTadA(H8Y_D108N_N127S)-

XTEN-dCas9 (SEQ ID NO: 339)

MSEVEFSYEWWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGL
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMSHRVEITEGILA
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLA LAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLF LA AKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVIDHVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK

[0347]

SKLVSDFRKDFQFYK VREINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEKGSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKL PKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDENEQKQLFVEQHKHYLDEIIHQISEFSKRVLADANL DKVLSAYNKH RDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGD

진화 (박테리아 내)의 제2 라운드로부터의 강화된 변이체 ecTadA

(H8Y_D108N_N127S_E155X)-XTEN-dCas9; X=D, G 또는 V (SEQ ID NO: 340)

MSEVEFSYEW MRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGIL
DECAALLSDFFRMRRQXIKAQKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRILIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGT YHDLLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKS DGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIIKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIE EGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYK VREINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNIVKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKEKGSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKL PKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDENEQKQLFVEQHKHYLDEIIHQISEFSKRVLADANL DKVLSAYNKH RDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGD

pNMG-160: ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-GGS-AAG*(E125Q)-GGS-NLS (SEQ ID NO:

341)

MSEVEFSHEYW MRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGIL
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSDTSGETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSSFFHR
LEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRILIYLAALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDV DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGT YHDLLKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKS DGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIIKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIE EGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK

[0348]

SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNI VKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDENEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKH RDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDGGSGHGLTRLGLEFFDQPAVPL
ARAFLLGQVLVRRLLPNGTELGRIVETQAYLGPEDAAHSRGGRTPRNRGMFMKPGTLYVYIYGYMFCM
NISSQGDGACVLLRLALEPLEGLETMRLRSTLRKGTASRVLDKRELCSGPSKLCQALAINKSFDQORDLAQD
EAVWLERGPLEPSEP AVVAAARVGVGHAGEWARKPLRFYVRGSPWVSVDRAEQDTQAGGSPKKKKR
V

pNMG-161: ecTadA(D108N)-XTEN-nCas9-GGS-엔도V*(D35A)-GGS-NLS (SEQ ID NO:

342)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGIL
DECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVP
SKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHHR
LEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDFKLFQVLQTYNQLFEENPINASGVDAKILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPL
SASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEEL
LVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRF
AWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE
GMRKPAFLSGEQKKAI VDL LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGT YHDL LKIIKDK
DFLDNEENEDILEDIVLTTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWRSLRKLINGIRDQKS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDEL
VKVMGRHKPENIVIEMARENTTQKGQKNSRERMKRIE EGKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQN
GRDMYVDQELDINRLSDYDVDHVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLL
NAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLK
SKLVSDFRKDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKSEQEI
GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQVNI VKKTEVQ
TGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKGFGDSPTVAYSVLVVAKEVGKSKKLKSVKELLGITIMERS
SFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEK
LKGSPEDENEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVLADANLKDVL SAYNKH RDKPIREQAENIIHLFTLTN
LGAPAAFKYFDDTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDGGSDLASLRAQQIELASSVIRE
DRLDKDPDLIAGAAVGFEGGGEVTRAAMVLLKYPSLELVEYKVARIATTMPYIPGFLSFREYPALLAAWE
MLSQKPDLVFVDGHGISHPRRLGVASHFGLLVDPVTIGVAKKRLCGKFEPLSSEPGALAPLMDKGEQLAW
VVRSKARCNPLFIATGHRVSVDSALAWVQRCMKGYRLPEPTRWADAVASERPAFVRYTANQPGGSPKKK
RKV

pNMG-371: ecTadA(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)-SGGS-SGGS-
XTEN-SGGS-SGGS- ecTadA(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)-SGGS-
SGGS-XTEN-SGGS-SGGS-nCas9-SGGS- NLS (SEQ ID NO: 458)

SEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGG
VMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGS
LMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLSYFFRMRRQVFKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGA VLV
HNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLSYFFRM
RRQVFKAQKKAQSSTDSGGSSGGSSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSDKKYSIGLAIGT

[0349]

NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
 TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
 PTIYHLRKKLV DSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTY
 NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRENLI AQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
 SNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
 KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
 YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
 KDNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIE
 RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEE
 NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
 DKQSGKTILDFLKS DGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
 AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
 LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSIDNKVLT RSDKNRGKSDNPVSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
 LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKS KLVSDFR
 KDFQFYK VREINNYHHAHDAYLNAVVG TALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAS
 EQEIGKATAKYFFYSNMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLSVKELLGITIMERSSSFENPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFE
 LENGKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHK
 HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-616 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
 ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E1
 55V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 459)
 MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
 AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
 SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
 SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
 LNNRVIGEGWNRRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
 MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
 PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGTN
 SVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT
 RRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYP
 TIYHLRKKLV DSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYN
 QLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRENLI AQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKS
 NFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITK
 APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
 KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLK
 DNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIER
 MTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
 FKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
 EDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
 KQSGKTILDFLKS DGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA

[0350]

IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKEL
GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

pNMG-624 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-32 a.a. 링커-

ecTadA(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E1
55V_I156F_K157N)-24 a.a. 링커_nCas9_SGGs_NLS (SEQ ID NO: 460)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAFLVHNRRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPSSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRARDEREVPVGAFLV
LNNRVIGEGWNRAGLHDPTAHAEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVI
TDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIC
YLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPHIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRK
KLVDSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFLFIQLVQTYNQLFEENP
INASGVDAKAIL SARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGFLGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASM
IKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILE
KMDGTEELLVKNLREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIE
KILTFRIPYYVGPLARGNSRFWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVT
VKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVL
TLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTIL
DFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQT
VKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEH
PVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVL
TRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKA
GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIASKEQEIGKA
TAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVL SMPQV
NIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEK
GKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKR
MLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHKHYLDEIIE
QISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

[0351]

pNMG-476 아미노산 서열 (진화 #3 이중 이량체, wt TadA + TadA evo #3 돌연변이):

ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-

ecTadA(L84F_A106V_D108N_H123Y_D147Y_E155V_I156F)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 461)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
HNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLSYFFRM
RRQVFKAQKKAQSSTDSGGSSGGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVSDTKADLRLLIYLAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFKLFQVLQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPL
KDNREKIEKILTFRIPIYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFTKTRNKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIEGIKE
LGSQILKEHLPDQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKMNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-477 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-

ecTadA(H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)-
(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 462)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRPIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY

[0352]

TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVDDSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFTNTRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFGANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTTRSDKNRGSNDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTALEKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKEKKGSKKLLSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-558 아미노산 서열: ecTadA(야생형)- 32 a.a. 링커-
ecTadA(H36L_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)-
24 a.a. 링커_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 463)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRPIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVI
TDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIC
YLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRK
KLVDSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEENP
INASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASM
IKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILE
KMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIE
KILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDILLFTNTRKVT
VKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDKDFLDNEENEDILEDIVL
TLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLLINGIRDKQSGKTIL
DFLKSDFGANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIAKKGILQT

[0353]

VKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEH
PVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVL
TRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKA
GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEIGKA
TAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQV
NIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEK
GKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKR
MLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIE
QISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDTLHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

pNMG-576 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F
_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 464)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAFLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAFLV
LNNRVIGEGWNRISGLHDPTAHAEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPKSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRKRNRCYQLQEISNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVSDTDKADLRILIYLAHAMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKNLREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASASQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTRNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAALIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSE
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGGSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

[0354]

pNMG-577 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_A142N_D147Y_E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 465)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRISGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVDSSTDKADLRILIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFLFIQLVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAMWTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKKIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKEKKGSKKLKSVKELLGITIMERSSEKKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-586 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 466)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRISGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY

[0355]

PTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLA LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV DKLFIQLVQTY
 NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALLSLGLTPNFK
 SNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
 KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
 YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFL
 KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIE
 RMTNFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEE
 NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
 DKQSGKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
 AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
 LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSDNKVLTTRSDKNRGKSDNPSEEVVKMKMNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
 LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLTKSKLVSDFR
 KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTA LIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIKS
 EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSSFENPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
 LENGKRKMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEQNEQKQLFVEQHK
 HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-588 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
 ecTadA(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_A142N_D147Y_E155V_I
 156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 467)
 MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
 AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
 SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
 SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
 LNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
 MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
 RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
 NSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
 TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
 PTIYHLRKKLV DSTDKADLRLLIYLA LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV DKLFIQLVQTY
 NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALLSLGLTPNFK
 SNFDLAEDAKLQLSKD TYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
 KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
 YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFY PFL
 KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIE
 RMTNFDKNLPNEKVLPHKSHLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEE
 NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
 DKQSGKTILDFLKSDGFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
 AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE

[0356]

LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSDNKNVLTTRSDKNRKGSDNVPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTAKAERGG
 LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
 KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAS
 EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
 LENGKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
 HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

pNMG-620 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
 ecTadA(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E1
 55V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 468)
 MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAFLVHNRRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
 AEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
 SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRQEIKAQKKAQSSTDSSGSSGG
 SSGSETPGTSESATPSSGGSSGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRARDEREVPVGAFLV
 LNNRVIGEGWNRAGLHDPTAHAEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAG
 MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
 PRQVFNAQKKAQSSTDSSGSSGSSGSETPGTSESATPSSGGSSGSSGSDKKYSIGLAIGTN
 SVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT
 RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPFGNIVDEVAYHEKYP
 TIYHLRKNLVDSTDKADRLIYLAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYN
 QLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKS
 NFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITK
 APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
 KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPLK
 DNREKIEKILTRIPYVVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASQAQSFIER
 MTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
 FKTRNKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
 EDILEDIVLTTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
 KQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA
 IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIIEGKEL
 GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSDNKNVLTTRSDKNRKGSDNVPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTAKAERGG
 LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
 KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAS
 EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
 LENGKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
 HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKKRV

[0357]

pNMG-617 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_E
155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 469)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVDSSTDKADLRLLIYALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDFKLFQVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDITYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTFEDREMIERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKMKKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKFNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-618 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142A_S146C_D147Y_R
152P_E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO:
470)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRAIGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT

[0358]

RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYP
 TIYHLRKKLV DSTDKADLR LIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYN
 QLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFKS
 NFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITK
 APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
 KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLK
 DNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIER
 MTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
 FKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
 EDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
 KQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA
 IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEIGIKEL
 GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSDIDNVLTNRSDKNRGSNDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
 LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
 KDFQFYKREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIKKYKPLESEFVYGDYKVDVRKMIAS
 EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIKLPKYSLFE
 LENGKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFYLYLASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHK
 HYLDIEHIEQISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIHFLTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

pNMG-620 아미노산 서열: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
 ecTadA(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E1
 55V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 471)
 MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
 AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
 SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRQEIKAKKKAQSSTDSGGSSGG
 SSGSETPGTSESATPESSGGSSGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRARDEREVPVGAVLV
 LNNRVIGEGWNRAGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
 MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
 PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGSDKKYSIGLAIGTN
 SVGWAVITDEYKVPSSKKFVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT
 RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYP
 TIYHLRKKLV DSTDKADLR LIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYN
 QLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIASLGLTPNFKS
 NFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITK
 APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
 KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLK
 DNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVVDKGASAQSFIER
 MTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
 FKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
 EDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
 KQSGKTILDFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA

[0359]

IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKEL
 GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
 DSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
 LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
 KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIAS
 EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
 VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
 VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFE
 LENGKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHK
 HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
 YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

pNMG-621 아미노산 서열: ecTadA(야생형)- 32 a.a. 링커-
 ecTadA(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_E155V_I1
 56F_K157N)- 24 a.a. 링커_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 472)
 MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRNVIGEGWNRPIGRHDPTAH
 AEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
 SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
 SSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
 LNNRNVIGEGWNRALGLHDPTAHAEIMALRQGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
 MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
 PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVI
 TDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIC
 YLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPHIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRK
 KLVDSSTDKADRLRIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEENP
 INASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
 AKLQLSKDTYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEITKAPLSASM
 IKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILE
 KMDGTEELLVKNLREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFLKDNREKIE
 KILTFRIPIYYVGPLARGNSRFAMTRKSEETITPWNFEFVVDKGASQSFIERMTNFDKN
 LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVT
 VKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVL
 TLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTIL
 DFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDLSHEHIANLAGSPAIIKKILQT
 VKVVDELVKVMGRHKPENIVIEARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEH
 PVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVL
 TRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGSELDKA
 GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYK
 VREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIASQEQEIGKA
 TAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQV
 NIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEK
 GKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKR
 MLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDEQKQLFVEQHKHYLDEIIE
 QISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHRRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
 RKRYTSTKEVLDTLIHQSTGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

[0360]

pNMG-622 아미노산 서열: ecTadA(야생형)- 32 a.a. 링커-
ecTadA(H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_R152P_E
155V_I156F_K157N)- 24 a.a. 링커_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 473)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGSSGSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRALGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
PRQVFNAQKKAQSSTDSSGGSSGSSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVI
TDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIC
YLQEIFSNEMAKVDDSSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRK
KLVDSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEEENP
INASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASM
IKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILE
KMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIE
KILTFRIPPYYVGPLARGNSRFAMWTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVT
VKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVL
TLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTIL
DFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQT
VKVVDLVKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGKELGSQILKEH
PVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVL
TRSDKNRKGSDNVPSEEVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKA
GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEIGKA
TAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQV
NIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEK
GKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLEFENGKRK
MLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIE
QISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDTLHQITGLYETRIDLSQLGGSSGGSPKKKRKV

pNMG-623 아미노산 서열: ecTadA(야생형)- 32 a.a. 링커-
ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P_EI
55V_I156F_K157N)- 24 a.a. 링커_nCas9_GGS_NLS (SEQ ID NO: 474)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGSSGSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRALGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM

[0361]

PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESDKKYSIGLAIGTNSVGWAVI
TDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIC
YLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRK
KLVSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYNQLFEEENP
INASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASM
IKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILE
KMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLKDNREKIE
KILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDILLFKTNRKVT
VKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVL
TLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTIL
DFLKSDGFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIIKKGILQT
VKVDELVKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIIEGKELGSQILKEH
PVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVHIVPQSFLKDDSIDNKVL
TRSDKNRGKSDNVPSEEVKKMKNYWRQLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKA
GFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSLLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDVRKMIKSEQEIGKA
TAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSPQV
NIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVAKVEK
GKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFELENGRKR
MLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLLKGPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIE
QISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDTLHQITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV

ABE6.3 ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_E155V_I156F_K1
57N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 475)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPSSSGSSGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRISGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPSSSGSSGSSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTY
NQLFEEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFTKNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR

[0362]

DKQSGKTILDFLKSDFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRKGSDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV*

ABE7.8 ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-
ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_E
155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 476)
MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRNVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRALGLHDPTAHAEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAG
AMIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGSSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRKKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSESLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLV DSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDYDDDLNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASASQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR
DKQSGKTILDFLKSDFANRNFQMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRKGSDNPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEFKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRKV*

[0363]

ABE7.9 ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-

ecTadA(W23L_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_R152P-
E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 477)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRAGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVITDEYKVPKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT
RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYP
TIYHLRKKLV DSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVKLFIQLVQTYN
QLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKS
NFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADLFLLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITK
APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLK
DNREKIEKILTRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASAQSFIER
MTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
FKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
EDILEDIVLTLTFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
KQSGKTILDFLKSDFANRNFMLIHDDSLTFKEDIQKQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA
IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKEL
GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGSNDNPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVDYVRKMIAKS
EQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIILPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVL SAYNKHDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVL DATLIHQ SITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV*

ABE7.10 ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-

ecTadA(W23R_H36L_P48A_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_S146C_D147Y_R152P-
E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAQKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSSEVEFSHEYWMRHALTLAKRALDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRAGLHDPTAHAEIMALRQGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHYPGMNHRVEITEGILADECAALLCYFFRM

[0364]

PRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGTN
SVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYT
RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
TIYHLRKKLVDSSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTYN
QLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKS
NFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITK
APLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPLK
DNREKIEKILTFRIPIYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIER
MTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLL
FKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEEN
EDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRD
KQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPA
IKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIIEGKEL
GSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGSNDNPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLHQITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV*

ABE6.4: ecTadA(야생형)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2-

ecTadA(H36L_P48S_R51L_L84F_A106V_D108N_H123Y_A142N_S146C_D147Y_E155V_I156F_K157N)-(SGGS)2-XTEN-(SGGS)2_nCas9_SGGS_NLS (SEQ ID NO: 480)

MSEVEFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLVHNNRVIGEGWNRPIGRHDPTAH
AEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGAMIHSRIGRVVFGARDAKTGAAG
SLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECAALLSDFFRMRRQEIKAKKKAQSSTDSGGSSGG
SSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSGSEVFSHEYWMRHALTLAKRAWDEREVPVGAVLV
LNNRVIGEGWNRSLGHDPTAHAEIMALRQGGGLVMQNYRLIDATLYVTLEPCVMCAGA
MIHSRIGRVVFGVRNAKTGAAGSLMDVLHHPGMNHRVEITEGILADECNALLCYFFRM
RRQVFNAQKKAQSSTDSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSDKKYSIGLAIGT
NSVGWAVITDEYKVPSSKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY
TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFHRLSEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKY
PTIYHLRKKLVDSSTDKADRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSVDKLFQILVQTY
NQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFK
SNFDLAEDAKLQLSKDQYDDDLNLLAQIGDQYADFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEIT
KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF
YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYFPL
KDNREKIEKILTFRIPIYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEVVDKGASQSFIE
RMTNFDKNLPNEKVLPHKSLLEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDL
LFTKNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEE
NEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIR

[0365]

DKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSP
AIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIAMARENQTTQKGQKNSRERMKRIIEGIKE
LGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKD
DSIDNKVLTRSDKNRGSNDNPSEEVVKMKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSCLVSDFR
KDFQFYKVRINNYHHAHDAYLNAVVGTAIIKKYPKLESEFVYGDYKVVYDVRKMIAS
EQEIGKATAKYFFYSNMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRK
VLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVL
VVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSEKPNIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLGKSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVLADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFK
YFDTTIDRKRYTSTKEVLDTLHQITGLYETRIDLSQLGGDSGGSPKKKRV

[0366]

[0367]

실시예 2: 스플릿 핵염기 에디터의 AAV 전달

[0368]

본 연구는 핵염기 에디터가 단백질 스플라이싱을 통해 세포 내에서 완전 및 활성 핵염기 에디터를 형성하도록 연합될 수 있는, 2개의 섹션으로 재조합 AAV (rAAV)에 의해 전달될 수 있다는 것을 제시하도록 디자인하였다. rAAV 구축물의 상이한 요소를 최적화된 핵염기 에디터 발현 및 활성화에 대해 테스트하였다.

[0369]

재조합 AAV (rAAV)는 트랜스진 전달을 위해 광범위하게 사용된다. 트랜스진은 역전된 말단 반복부 (ITR) 서열

사이의 AAV 게놈 내로 삽입하고 숙주 세포 (예를 들어, 포유동물 세포, 인간 세포)를 형질도입하는데 사용되고 AAV 바이러스 입자 내로 패키징하였다. 그러나, 전형적으로 대략 4.9 킬로염기로, rAAV 내로 패키징될 수 있는 트랜스진의 크기에 대한 한계가 있다. 핵염기 에디터 (예를 들어, 시토신 데아미나제-dCas9-UGI)를 코딩하는 핵산을 전형적으로 rAAV의 패키징 한계를 초과한다. 본원에 기재된 바와 같이, 핵염기 에디터를 코딩하는 핵산을 스플릿하였고 (도 1a 참조), 각각의 섹션을 별개의 rAAV 입자 내로 패키징하였다. 핵염기 에디터의 2개의 섹션을 세포에 전달하였고, 단백질 스플라이싱을 통해 라이게이션되어 완전 핵염기 에디터를 형성할 수 있다 (예를 들어, 인테인, 예컨대 DnaE 인테인에 의해 매개됨; 도 1c 참조). 라이게이션된, 완전 핵염기 에디터는 표적 염기를 에디팅하는데 있어서 활성이었다 (도 1b 참조). 스플릿 핵염기 에디터를 코딩하는 rAAV 구축물을 상이한 세포주, 예를 들어, U118 및 HEK293T에서 테스트하였고, 표적 염기를 에디팅하는데 있어서 활성이다 (도 3a-3b 및 도 5a-5b 참조).

[0370] 핵염기 에디터의 발현 및 활성을 최적화하기 위해 상이한 전사 종결인자 및 핵 국제화 신호 (NLS)를 rAAV 구축물에서 테스트하였다 (도 4, 6, 및 7 참조).

[0371] 실시예 3: AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터를 사용한 마우스 뉴런에서의 DNMT1 유전자의 에디팅

[0372] 본 연구는 생체내 AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터의 염기 에디팅 활성을 테스트하도록 디자인하였다. 도 1a에 제시된 바와 같은 스플릿 핵염기 에디터를 사용하였다. dCas9 도메인 및 데아미나제 도메인 사이의 링커의 아미노산 서열은 SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESGGSSGGS (서열식별번호: 384)이다. DNMT1 유전자에서의 널리 특징화된 부위를 표적화하는 가이드 RNA를 선택하였다. 이는 세포가 에디팅을 허용할 수 있을 것으로 예상되었다. 이들 실험은 AAV 코딩된 스플릿 염기 에디터가 1차 뉴런을 포함한 여러 세포 유형에서 시험관내 또는 생체내 로 커스를 에디팅할 수 있는지 여부를 결정하는 것을 목표로 한다.

[0373] 한 실험에서, 스플릿 핵염기 에디터 및 DNMT1을 표적화하는 가이드 RNA를 코딩하는 AAV 벡터를 사용하여 해리된 마우스 피질 뉴런을 형질도입하고, 2일 후에 피질 뉴런을 단리 및 배양하였다. 뉴런을 형질도입 후 16일에 수확하고 DNMT1 유전자를 서열분석하여 (도 8a) 에디팅 효율 뿐만 아니라 오프-표적 효과를 결정하였다. 17.34%의 에디팅 효율 (C에서 T로의 에디팅, 도 8b에서의 보다 짙은 회색)이 검출된 한편, 단지 0.82%의 목적하지 않은 에디팅 (C에서 G로의 또는 C에서 A로의 변화, 도 8b에서의 보다 옅은 회색)이 검출되었다.

[0374] 또 다른 실험에서, 배양된 마우스 뉴로-2 세포를 스플릿 핵염기 에디터 및 DNMT1을 표적화하는 가이드 RNA를 코딩하는 AAV 벡터로 형질도입하였거나, 또는 핵염기 에디터를 코딩하는 지질-캡슐화 DNA 및 가이드 RNA로 형질감염시켜, 핵염기 에디터의 상이한 전달 방법을 사용하여 에디팅 효율의 직접 비교를 허용하였다 (도 9a). 5.96%의 에디팅 효율 (C에서 T로의 에디팅, 도 9b에서의 짙은 회색)이 AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터에 대해 관찰된 한편, 27.3%의 에디팅 효율 (C에서 T로의 에디팅, 도 9b에서의 짙은 회색)이 지질-형질감염된 DNA 코딩된 핵염기 에디터에 대해 관찰되었다. 목적하지 않은 산물의 양은 AAV 코딩된 스플릿 핵염기 에디터에 대해 0.15% 및 지질-형질감염된 DNA 코딩된 핵염기 에디터에 대해 1.3%였다 (C에서 G로의 또는 C에서 A로의 변화, 도 9b에서의 보다 옅은 회색).

[0375] **등가물 및 범주**

[0376] 청구범위에서, 단수형은 달리 나타내지 않는 한 또는 달리 문맥으로부터 명백하지 않는 한, 하나 또는 하나 초과를 의미할 수 있다. 군의 하나 이상의 구성원들 사이에 "또는"을 포함하는 청구범위 또는 설명은 달리 나타내지 않는 한 또는 달리 문맥으로부터 명백하지 않는 한, 군 구성원 중 하나, 하나 초과, 또는 모두가 주어진 산물 또는 프로세스에 존재하거나, 그에 이용되거나, 또는 달리 그와 관련되어 있는 경우에 충족되는 것으로 간주된다. 본 발명은 군의 정확히 하나의 구성원이 주어진 산물 또는 프로세스에 존재하거나, 그에 이용되거나, 또는 달리 그와 관련되어 있는 실시양태를 포함한다. 본 발명은 군 구성원 중 하나 초과, 또는 모두가 주어진 산물 또는 프로세스에 존재하거나, 그에 이용되거나, 또는 달리 그와 관련되어 있는 실시양태를 포함한다.

[0377] 게다가, 본 발명은 열거된 청구항 중 하나 이상의 항으로부터의 하나 이상의 제한, 요소, 항목, 및 서술적 용어가 또 다른 청구항 내로 도입된 모든 변경, 조합, 및 순열을 포괄한다. 예를 들어, 또 다른 청구항에 대해 종속항인 임의의 청구항은 동일 기반 청구항에 대해 종속항인 임의의 다른 청구항에서 발견되는 하나 이상의 제한을 포함하도록 변형될 수 있다. 요소가, 예를 들어, 마쿠쉬 군 포맷의 목록으로서 제시되는 경우에, 요소의 각각의 하위군이 또한 개시되고, 임의의 요소(들)는 군으로부터 제거될 수 있다. 일반적으로, 본 발명, 또는 본 발명의 측면이 특정한 요소 및/또는 특색을 포함하는 것으로 지칭되는 경우에, 본 발명 또는 본 발명의 측면의 특정 실시양태는 이러한 요소 및/또는 특색으로 이루어지거나, 또는 그로 본질적으로 이루어지는 것으로 이해되

어야 한다. 단순성의 목적상, 이들 실시양태는 본원에 이들 용어로 구체적으로 제시되지 않았다.

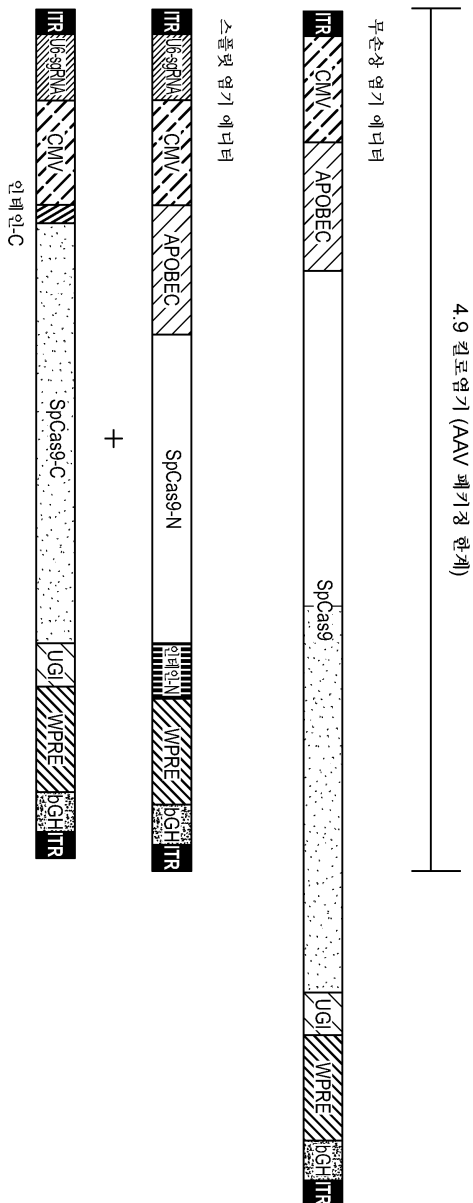
[0378] 또한, 용어 "포함하는" 및 "함유하는"이 개방적이고 추가적인 요소 또는 단계의 포함을 허용하는 것으로 의도됨을 주지한다. 범위가 주어진 경우에, 종점이 포함된다. 게다가, 달리 나타내지 않는 한 또는 달리 문맥 및 관련 기술분야의 통상의 기술자의 이해로부터 명백하지 않는 한, 범위로서 표현된 값은 본 발명의 상이한 실시양태에서 언급된 범위 내의 임의의 구체적 값 또는 하위-범위를, 문맥이 달리 명백하게 지시하지 않는 한, 범위의 하한치 단위의 1/10까지 가정할 수 있다.

[0379] 본 출원은 다양한 허여된 특허, 공개된 특허 출원, 학술지 논문, 및 다른 공개물을 지칭하며, 이들 모두는 본원에 참조로 포함된다. 임의의 포함된 참고문헌 및 본 명세서 사이에 상충이 존재하는 경우에, 본 명세서가 우선할 것이다. 게다가, 선행 기술 내에 해당하는 본 발명의 임의의 특정한 실시양태는 청구항 중 임의의 하나 이상의 항으로부터 명시적으로 배제될 수 있다. 이러한 실시양태는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 알려진 것으로 여겨지기 때문에, 그들은 상기 배제가 본원에 명시적으로 제시되지 않았더라도 배제될 수 있다. 본 발명의 임의의 특정한 실시양태는 선행 기술의 존재와 관련되어 있든지 또는 아니든지, 임의의 이유로, 임의의 청구항으로부터 배제될 수 있다.

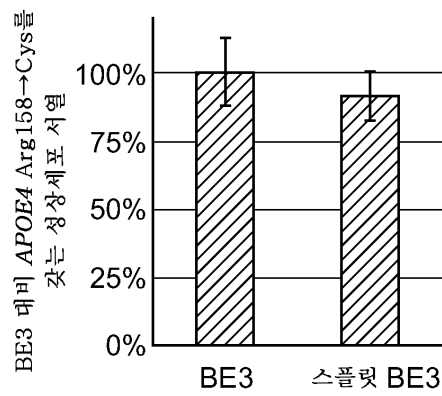
[0380] 관련 기술분야의 통상의 기술자는 단지 상용 실험을 사용하여, 본원에 기재된 구체적 실시양태에 대한 많은 등가물을 인식 또는 확인할 수 있을 것이다. 본원에 기재된 본 실시양태의 범주는 상기 설명에 제한되도록 의도된 것은 아니며, 오히려 첨부된 청구범위에 제시된 바와 같다. 관련 기술분야의 통상의 기술자는 이러한 설명에 대한 다양한 변화 및 변형이 하기 청구범위에 정의된 바와 같은 본 발명의 취지 또는 범주로부터 벗어나지 않으면서 이루어질 수 있음을 인지할 것이다.

도면

도면 1a

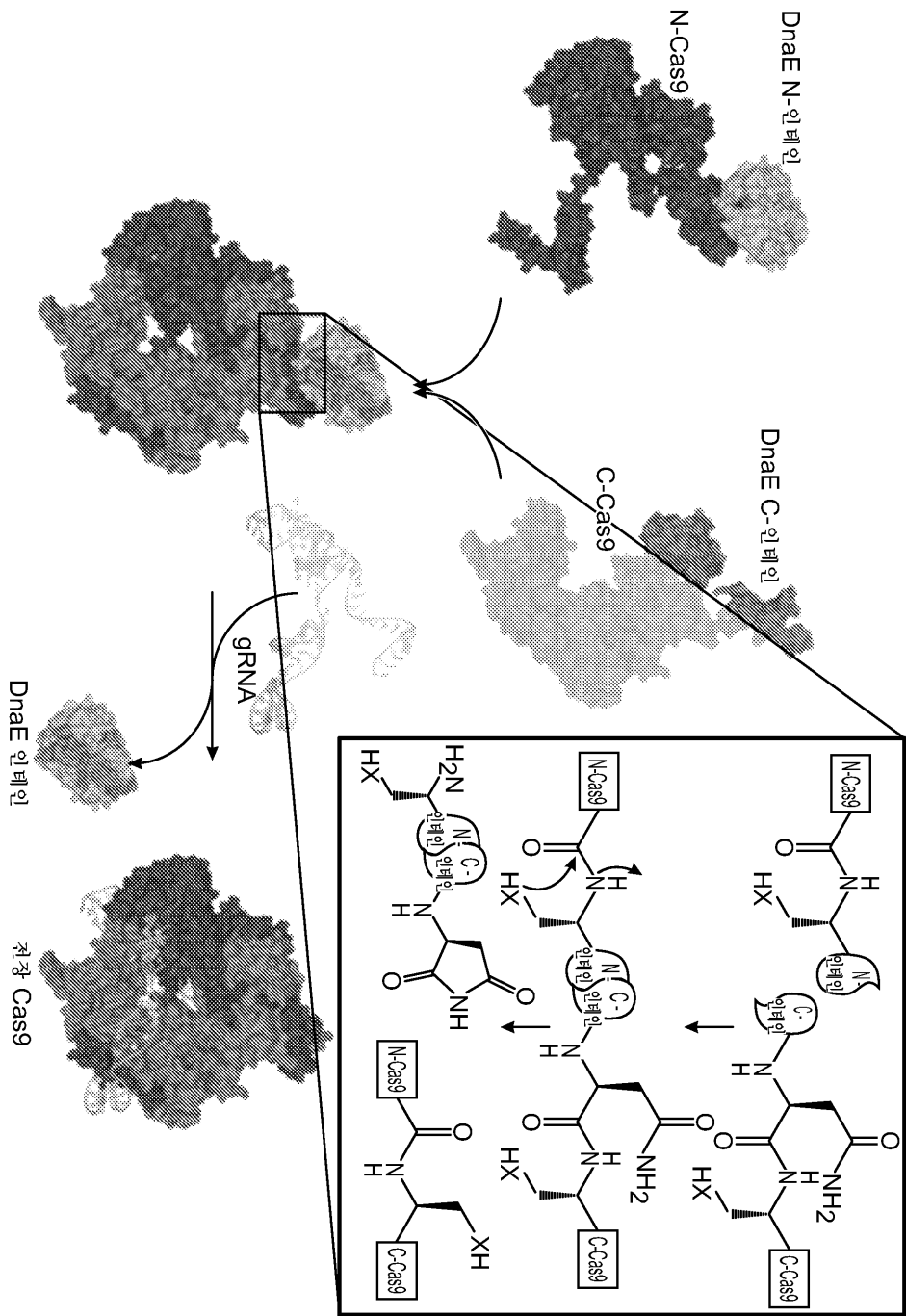


도면1b

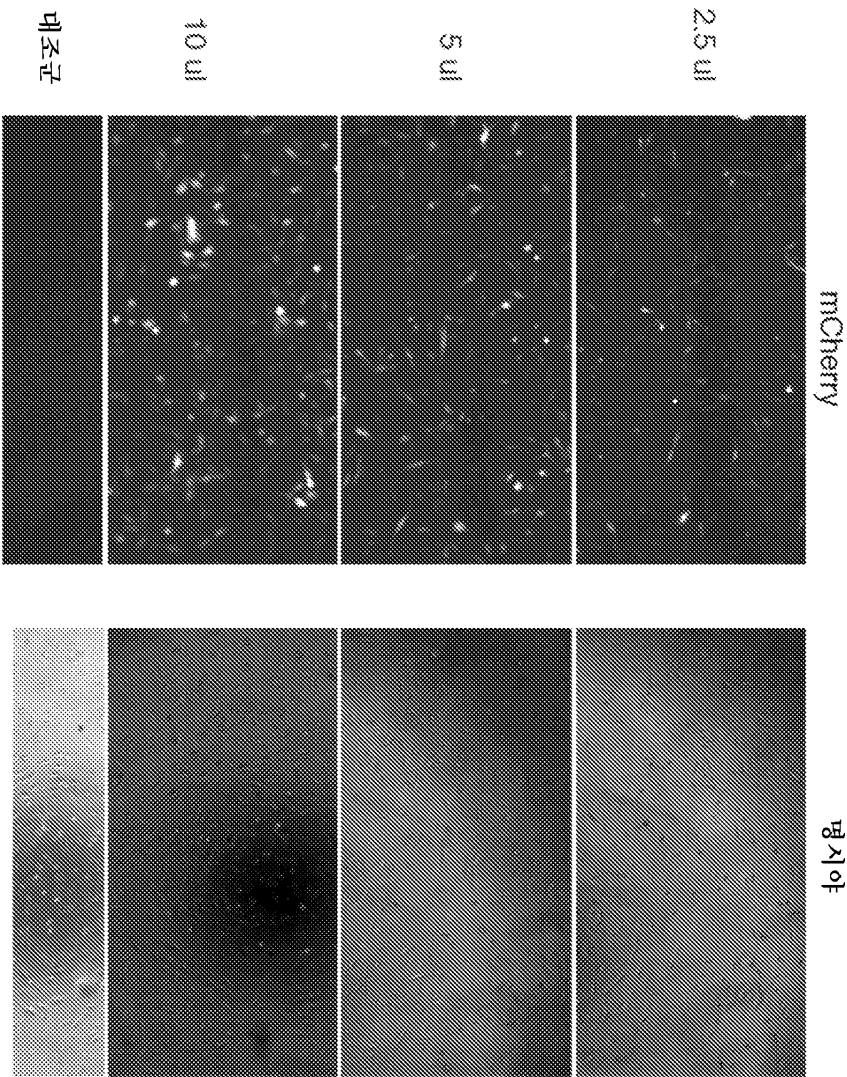


염기 에디터는 세포 내에서 스플라이싱을
겪어 활성 에디터를 형성하는 AAV-사이징된
절반들로 분할될 수 있음

도면1c



도면2



24시간에서
수화된 바이러스

72시간:

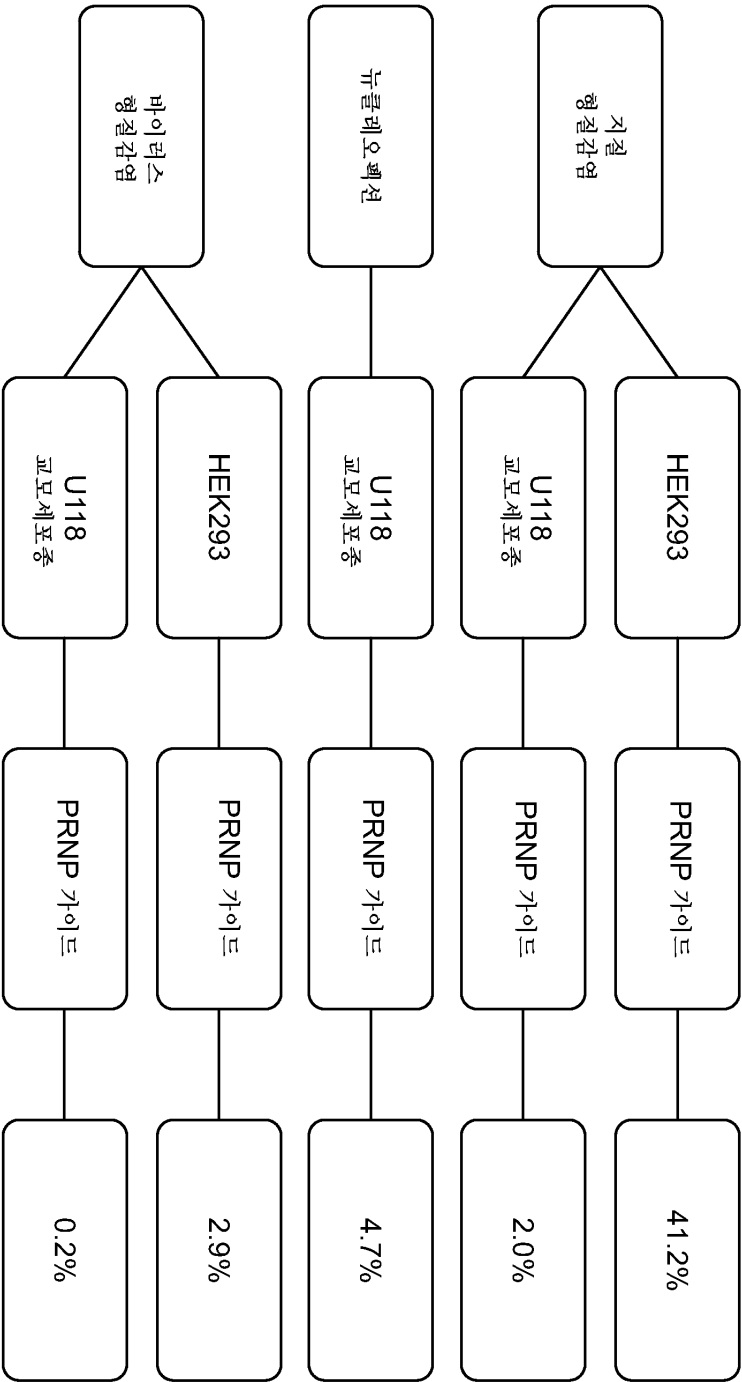
		N1												C1											
		U118						HEK						U118						HEK					
Gly	G	C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8	
	G	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	C4	99.8		99.8		99.9		99.9		99.8		99.8		99.6		99.7		99.5		99.8		99.8		99.8	
	A	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
Gly	G	0.2		0.2		0.1		0.1		0.2		0.2		0.3		0.3		0.5		0.2		0.2		0.2	
	G	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	C4	97.0		97.1		99.8		99.8		99.8		99.8		99.8		99.7		99.5		99.8		99.8		99.8	
	A	0.1		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
Gly	G	2.9		2.9		0.2		0.2		0.2		0.2		0.3		0.3		0.5		0.2		0.2		0.2	
	G	0.1		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	C4	97.0		97.1		99.8		99.8		99.8		99.8		99.8		99.7		99.5		99.8		99.8		99.8	
	A	0.1		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	

배조군 - BE3 및 PRNP 가이드로의 지질 형질감염 (U118 상단 열; HEK 하단 열)

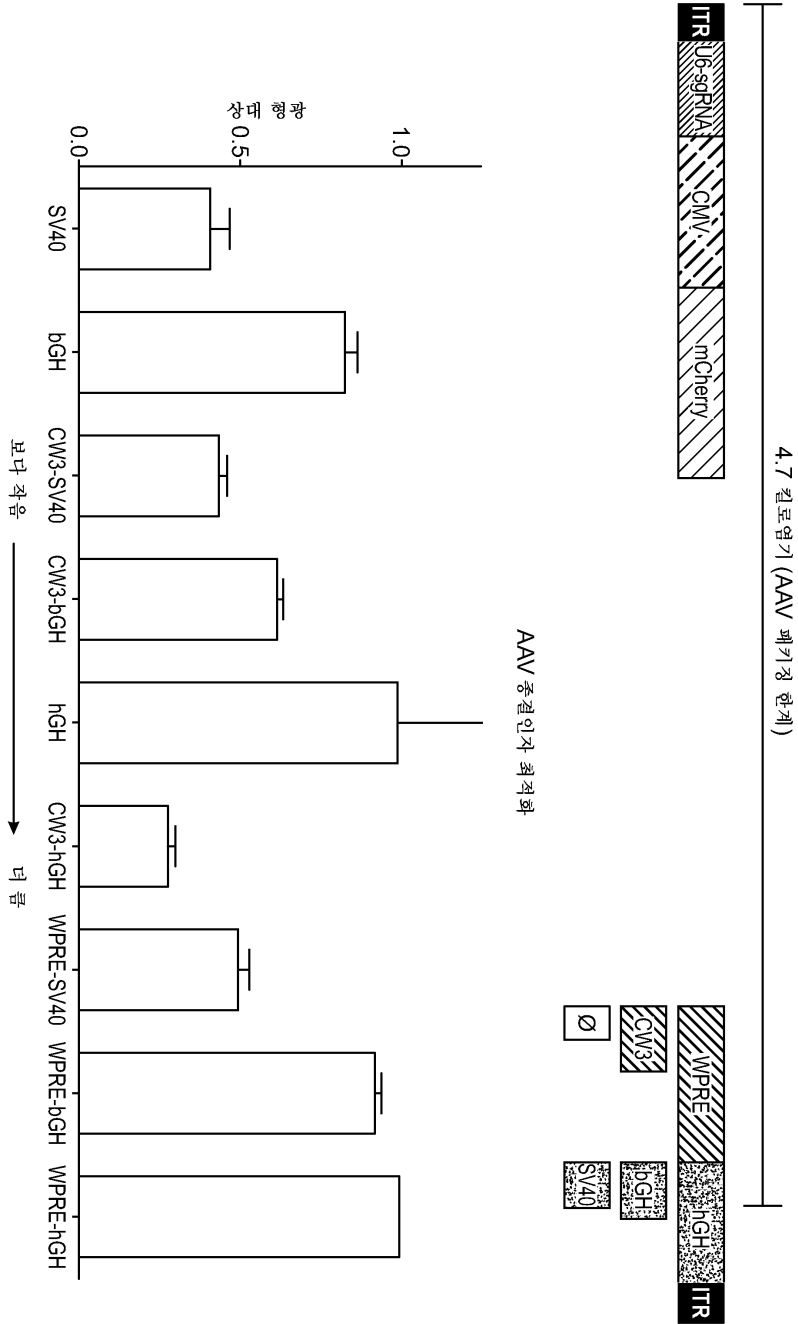
		Ser -> Ser						Arg -> Arg						Tyr						Pro						Gly						Glu					
Gly	G	C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8		C7		C8	
	G	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	C4	98.8		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1		98.0		98.1	
	A	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
Gly	G	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	C4	99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9		99.9	
	A	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	A	2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0		2.1		2.0	
Gly	G	27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6		27.9		26.6	
	G	3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0		3.8		0.0	
	C4	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	
	A	0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0		0.0	

도면3a

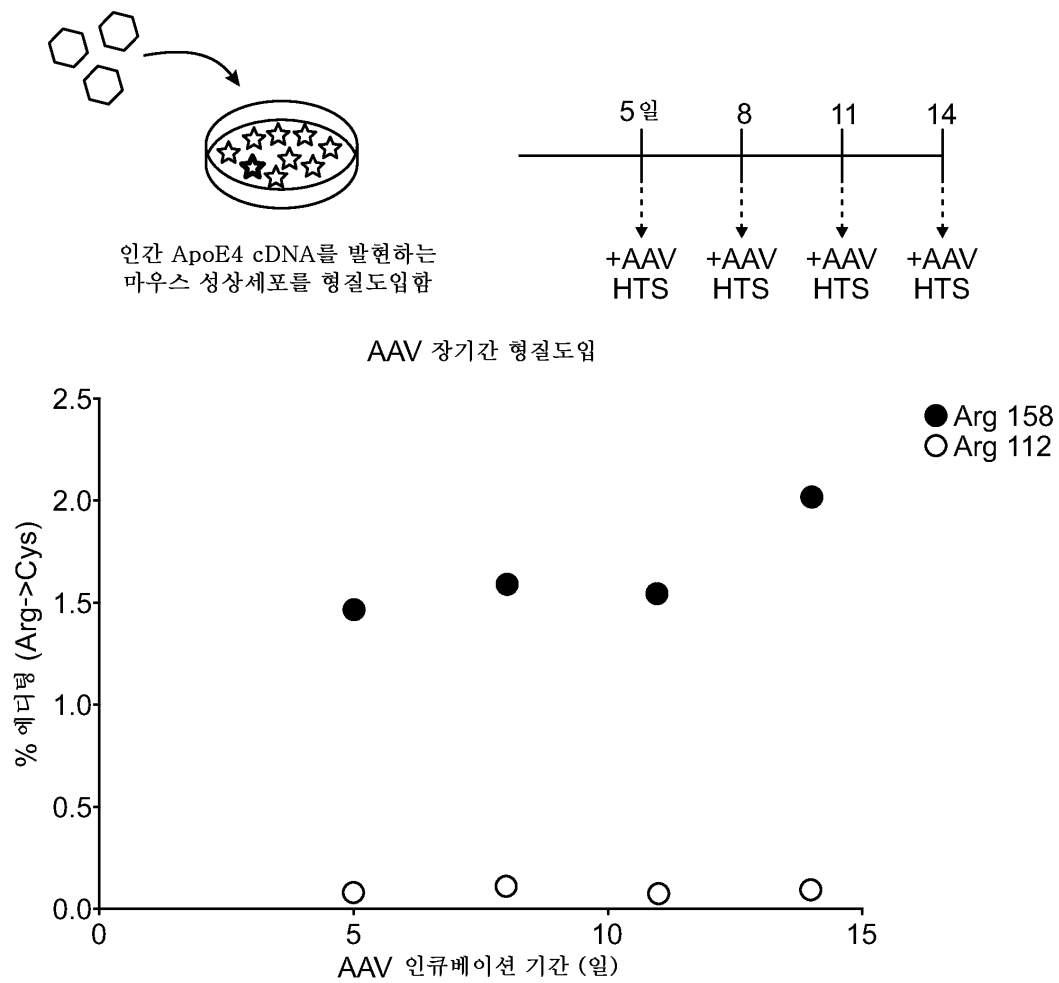
도면3b



도면4



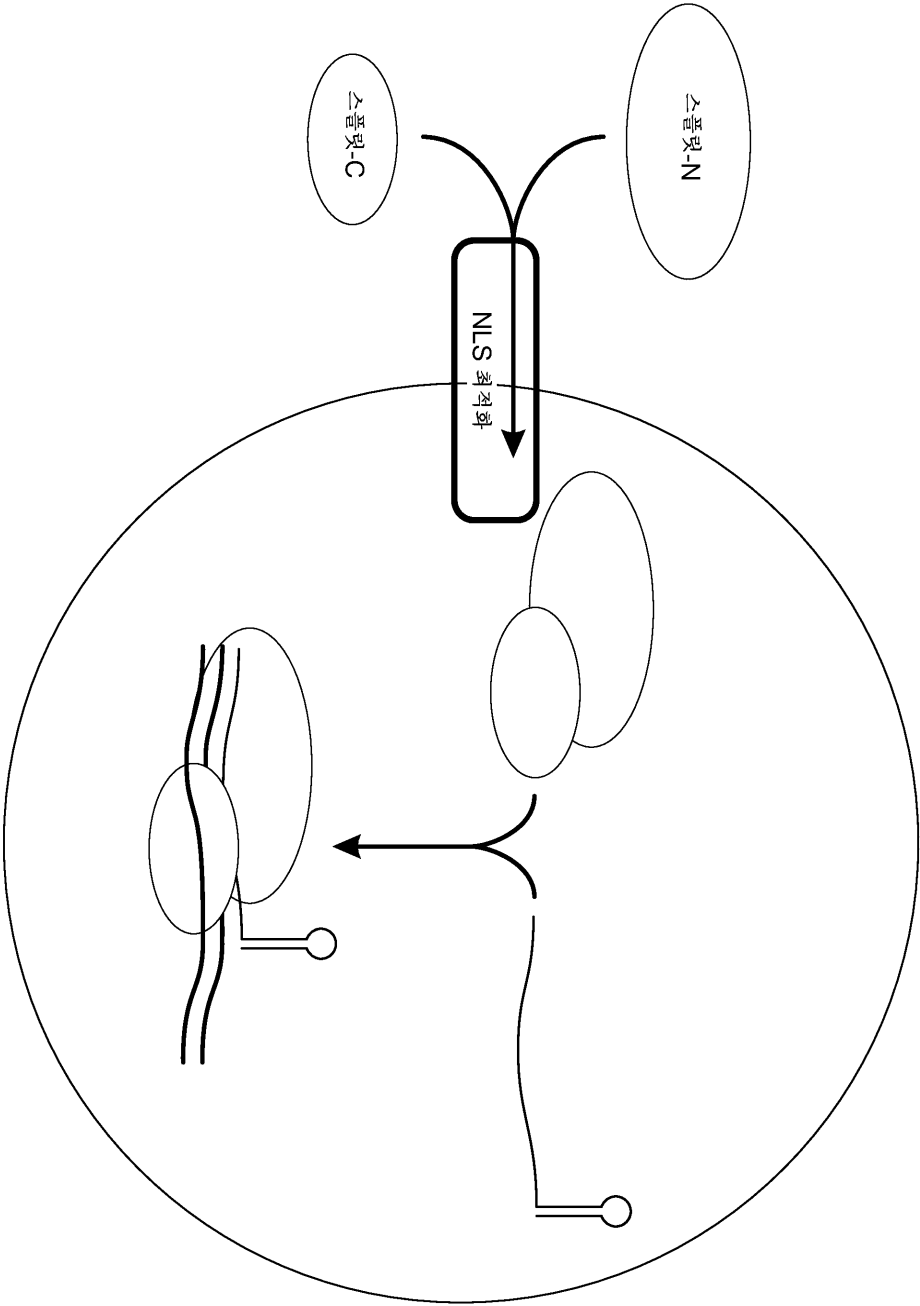
도면5a



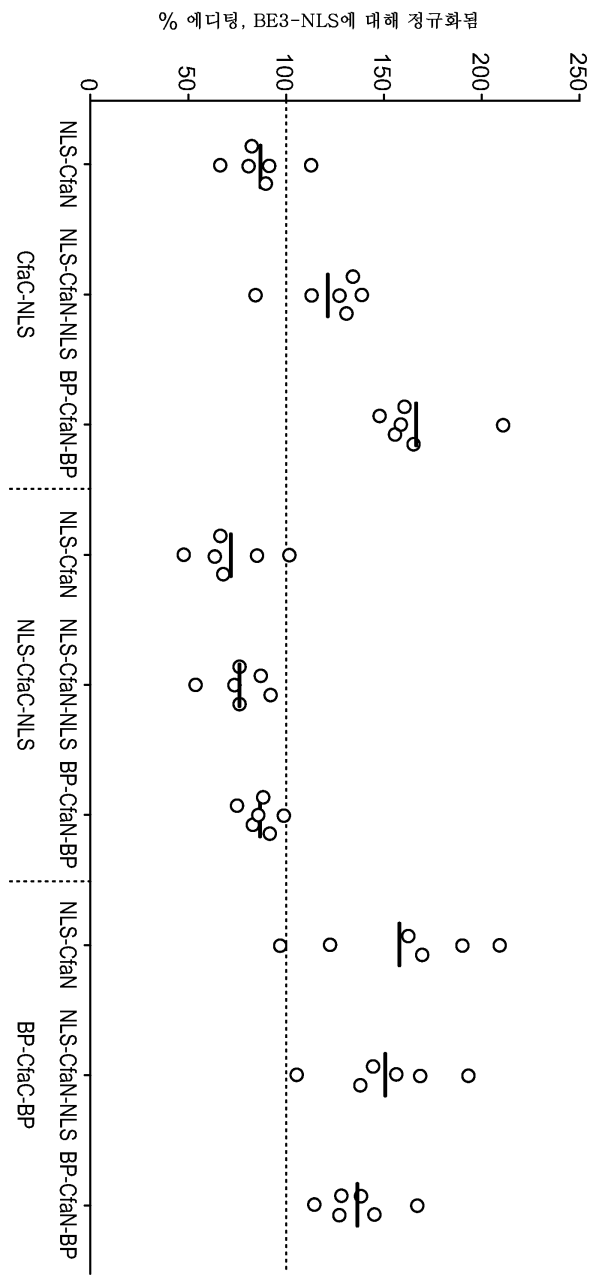
도면5b



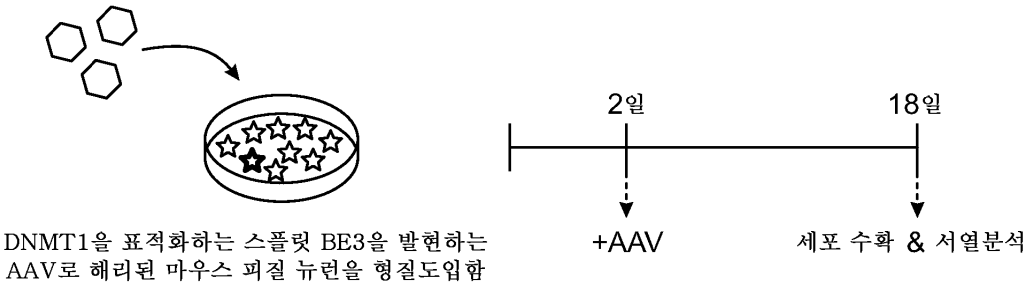
도면6



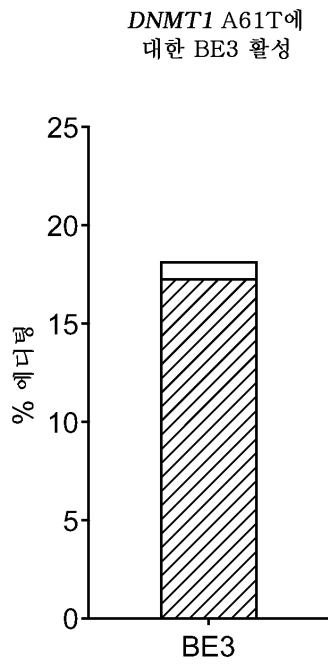
도면7



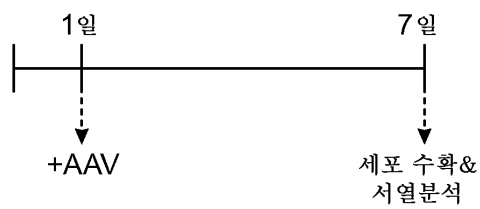
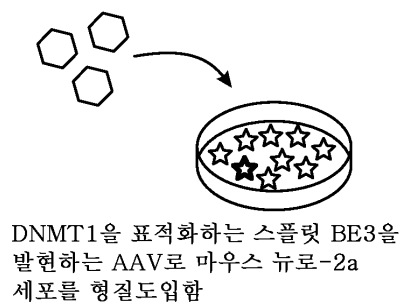
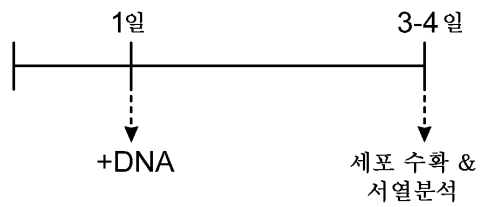
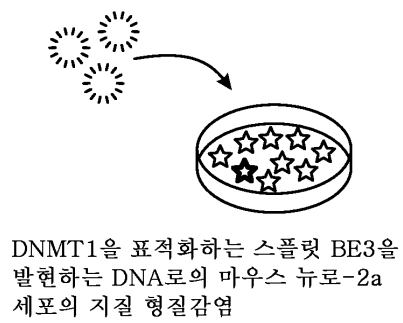
도면8a



도면8b

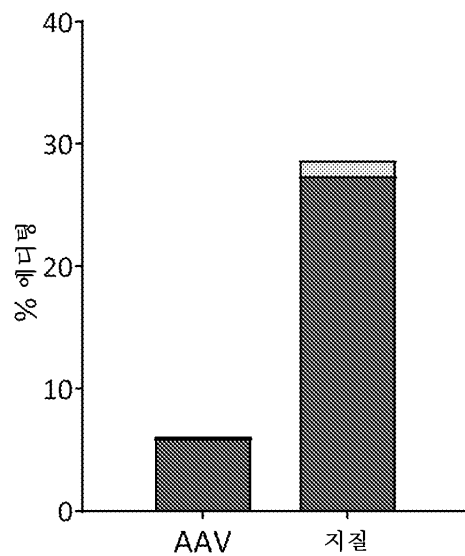


도면9a



도면9b

DNMT1 A61T에 대한 BE3 활성



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> President and Fellows of Harvard College

<120> AAV DELIVERY OF NUCLEOBASE EDITORS

<130> H0824.70246W000

<140> Not Yet Assigned

<141> 2017-10-13

<150> US 62/475,780

<151> 2017-03-23

<150> US 62/408,575

<151> 2016-10-14

<160> 479

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 1368

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 1

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe			
20	25	30	
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
35	40	45	
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu			
50	55	60	
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser			
85	90	95	
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys			
100	105	110	
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr			
115	120	125	
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp			
130	135	140	
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
165	170	175	
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala			
195	200	205	
Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn			
210	215	220	
Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe			
245	250	255	

Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270

 Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp
 290 295 300
 Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys
 325 330 335

 Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser
 355 360 365
 Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp
 370 375 380
 Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
 385 390 395 400

 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460

 Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525

 Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln
 530 535 540
 Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
 565 570 575
 Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
 580 585 590

 Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
 595 600 605
 Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
 610 615 620
 Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala
 625 630 635 640
 His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
 645 650 655

 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 660 665 670
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe
 675 680 685
 Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe
 690 695 700
 Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu
 705 710 715 720

 His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
 725 730 735
 Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly
 740 745 750

Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile

770 775 780

Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800

Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg

820 825 830

Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys

835 840 845

Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg

850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys

865 870 875 880

Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895

Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp

900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925

Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp

930 935 940

Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960

Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg

965 970 975

Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990

Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe

995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val	Tyr Asp Val Arg Lys	Met Ile Ala
1010	1015	1020
Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly	Lys Ala Thr Ala Lys	Tyr Phe Phe
1025	1030	1035
Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe	Phe Lys Thr Glu Ile	Thr Leu Ala
1040	1045	1050
Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg	Pro Leu Ile Glu Thr	Asn Gly Glu
1055	1060	1065
Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp	Lys Gly Arg Asp Phe	Ala Thr Val
1070	1075	1080
Arg Lys Val Leu Ser Met Pro	Gln Val Asn Ile Val	Lys Lys Thr
1085	1090	1095
Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu Ser Ile	Leu Pro Lys
1100	1105	1110
Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys Lys Asp	Trp Asp Pro
1115	1120	1125
Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr Val Ala	Tyr Ser Val
1130	1135	1140
Leu Val Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys Ser Lys	Lys Leu Lys
1145	1150	1155
Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile Met Glu	Arg Ser Ser
1160	1165	1170
Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu Ala Lys	Gly Tyr Lys
1175	1180	1185
Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu
1190	1195	1200
Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met Leu Ala	Ser Ala Gly
1205	1210	1215
Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu Pro Ser	Lys Tyr Val
1220	1225	1230

Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser
1235 1240 1245

Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys
1250 1255 1260

His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys
1265 1270 1275

Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala
1280 1285 1290

Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn
1295 1300 1305

Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala
1310 1315 1320

Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser
1325 1330 1335

Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
1340 1345 1350

Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355 1360 1365

<210> 2

<211> 1368

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 2

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala
 195 200 205
 Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

 210 215 220
 Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe
 245 250 255
 Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp

 275 280 285
 Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp
 290 295 300
 Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys
 325 330 335
 Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe

 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser
 355 360 365
 Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp
 370 375 380
 Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

 405 410 415
 Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu

 465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln

 530 535 540
 Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560

Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
565 570 575

Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
595 600 605

Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
610 615 620

Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala
625 630 635 640

His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
645 650 655

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
660 665 670

Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe
675 680 685

Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe
690 695 700

Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu
705 710 715 720

His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
725 730 735

Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly
740 745 750

Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile
770 775 780

Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu

805	810	815	
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg			
820	825	830	
Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys			
835	840	845	
Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys			
865	870	875	880
Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala			
1010	1015	1020	
Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe			
1025	1030	1035	
Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala			
1040	1045	1050	

Asn Gly	Glu Ile	Arg Lys	Arg	Pro Leu	Ile Glu	Thr	Asn Gly	Glu
1055			1060			1065		
Thr Gly	Glu Ile	Val Trp	Asp	Lys Gly	Arg Asp	Phe	Ala Thr	Val
1070			1075			1080		
Arg Lys	Val Leu	Ser Met	Pro	Gln Val	Asn Ile	Val	Lys Lys	Thr
1085			1090			1095		
Glu Val	Gln Thr	Gly Gly	Phe	Ser Lys	Glu Ser	Ile	Leu Pro	Lys
1100			1105			1110		
Arg Asn	Ser Asp	Lys Leu	Ile	Ala Arg	Lys Lys	Asp	Trp Asp	Pro
1115			1120			1125		
Lys Lys	Tyr Gly	Gly Phe	Asp	Ser Pro	Thr Val	Ala	Tyr Ser	Val
1130			1135			1140		
Leu Val	Val Ala	Lys Val	Glu	Lys Gly	Lys Ser	Lys	Lys Leu	Lys
1145			1150			1155		
Ser Val	Lys Glu	Leu Leu	Gly	Ile Thr	Ile Met	Glu	Arg Ser	Ser
1160			1165			1170		
Phe Glu	Lys Asn	Pro Ile	Asp	Phe Leu	Glu Ala	Lys	Gly Tyr	Lys
1175			1180			1185		
Glu Val	Lys Lys	Asp Leu	Ile	Ile Lys	Leu Pro	Lys	Tyr Ser	Leu
1190			1195			1200		
Phe Glu	Leu Glu	Asn Gly	Arg	Lys Arg	Met Leu	Ala	Ser Ala	Gly
1205			1210			1215		
Glu Leu	Gln Lys	Gly Asn	Glu	Leu Ala	Leu Pro	Ser	Lys Tyr	Val
1220			1225			1230		
Asn Phe	Leu Tyr	Leu Ala	Ser	His Tyr	Glu Lys	Leu	Lys Gly	Ser
1235			1240			1245		
Pro Glu	Asp Asn	Glu Gln	Lys	Gln Leu	Phe Val	Glu	Gln His	Lys
1250			1255			1260		
His Tyr	Leu Asp	Glu Ile	Ile	Glu Gln	Ile Ser	Glu	Phe Ser	Lys
1265			1270			1275		
Arg Val	Ile Leu	Ala Asp	Ala	Asn Leu	Asp Lys	Val	Leu Ser	Ala

1280	1285	1290
Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys	Pro Ile Arg Glu Gln	Ala Glu Asn
1295	1300	1305
Ile Ile His Leu Phe Thr Leu	Thr Asn Leu Gly Ala	Pro Ala Ala
1310	1315	1320
Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr	Ile Asp Arg Lys Arg	Tyr Thr Ser
1325	1330	1335
Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala	Thr Leu Ile His Gln	Ser Ile Thr
1340	1345	1350
Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile	Asp Leu Ser Gln Leu	Gly Gly Asp
1355	1360	1365
<210> 3		
<211> 1368		
<212> PRT		
<213> Artificial Sequence		
<220><223> Synthetic Polypeptide		
<400> 3		
Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1	5	10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe		
20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys		
65	70	75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys		
100	105	110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr		

115	120	125	
His Glu Lys Tyr Pro Thr	Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp		
130	135	140	
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
165	170	175	
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala			
195	200	205	
Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn			
210	215	220	
Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe			
245	250	255	
Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp			
260	265	270	
Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp			
275	280	285	
Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp			
290	295	300	
Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys			
325	330	335	
Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe			
340	345	350	
Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser			
355	360	365	

Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp
370 375 380

Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415

Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
450 455 460

Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu
465 470 475 480

Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
485 490 495

Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln
530 535 540

Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
545 550 555 560

Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
565 570 575

Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
595 600 605

Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr

610 615 620
 Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala
 625 630 635 640
 His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
 645 650 655
 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 660 665 670

 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe
 675 680 685
 Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe
 690 695 700
 Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu
 705 710 715 720
 His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
 725 730 735

 Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly
 740 745 750
 Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile
 770 775 780
 Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800

 Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg
 820 825 830
 Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys
 835 840 845
 Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg
 850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925

 Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990

 Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala
 1010 1015 1020
 Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe
 1025 1030 1035
 Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala
 1040 1045 1050

 Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu
 1055 1060 1065
 Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val
 1070 1075 1080
 Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr
 1085 1090 1095
 Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys

1100	1105	1110
Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys Lys Asp	Trp Asp Pro
1115	1120	1125
Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr Val Ala	Tyr Ser Val
1130	1135	1140
Leu Val Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys Ser Lys	Lys Leu Lys
1145	1150	1155
Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile Met Glu	Arg Ser Ser
1160	1165	1170
Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu Ala Lys	Gly Tyr Lys
1175	1180	1185
Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu
1190	1195	1200
Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met Leu Ala	Ser Ala Gly
1205	1210	1215
Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu Pro Ser	Lys Tyr Val
1220	1225	1230
Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu Lys Leu	Lys Gly Ser
1235	1240	1245
Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe Val Glu	Gln His Lys
1250	1255	1260
His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile	Glu Gln Ile Ser Glu	Phe Ser Lys
1265	1270	1275
Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala	Asn Leu Asp Lys Val	Leu Ser Ala
1280	1285	1290
Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys	Pro Ile Arg Glu Gln	Ala Glu Asn
1295	1300	1305
Ile Ile His Leu Phe Thr Leu	Thr Asn Leu Gly Ala	Pro Ala Ala
1310	1315	1320
Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr	Ile Asp Arg Lys Arg	Tyr Thr Ser
1325	1330	1335

Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
1340 1345 1350

Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355 1360 1365

<210> 4

<211> 1368

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 4

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165	170	175	
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala			
195	200	205	
Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn			
210	215	220	
Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe			
245	250	255	
Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp			
260	265	270	
Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp			
275	280	285	
Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp			
290	295	300	
Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys			
325	330	335	
Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe			
340	345	350	
Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser			
355	360	365	
Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp			
370	375	380	
Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
405	410	415	

Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe

420 425 430

Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp

450 455 460

Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu

465 470 475 480

Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr

485 490 495

Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525

Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln

530 535 540

Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr

545 550 555 560

Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp

565 570 575

Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly

580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp

595 600 605

Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr

610 615 620

Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala

625 630 635 640

His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr

645 650 655

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp

660 665 670
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe

675 680 685
Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe

690 695 700
Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu

705 710 715 720
His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly

725 730 735
Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly

740 745 750
Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile

770 775 780
Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg

820 825 830
Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys

835 840 845
Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys

865 870 875 880
Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp

900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala
 1010 1015 1020
 Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe
 1025 1030 1035
 Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala
 1040 1045 1050
 Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu
 1055 1060 1065
 Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val
 1070 1075 1080
 Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr
 1085 1090 1095
 Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys
 1100 1105 1110
 Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro
 1115 1120 1125
 Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Val Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val
 1130 1135 1140
 Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys

1145 1150 1155
 Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser
 1160 1165 1170
 Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys

1175 1180 1185
 Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu
 1190 1195 1200
 Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Arg
 1205 1210 1215
 Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val
 1220 1225 1230
 Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser

1235 1240 1245
 Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys
 1250 1255 1260
 His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys
 1265 1270 1275
 Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala
 1280 1285 1290
 Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn

1295 1300 1305
 Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala
 1310 1315 1320
 Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Glu Tyr Arg Ser
 1325 1330 1335
 Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
 1340 1345 1350
 Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355 1360 1365
 <210> 5
 <211> 1368

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 5

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala

195 200 205

Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

210 215 220

Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn
225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe
245 250 255

Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
260 265 270

Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp
275 280 285

Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp
290 295 300

Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320

Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys
325 330 335

Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe
340 345 350

Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser
355 360 365

Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp
370 375 380

Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415

Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
450 455 460

Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu

465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
 485 490 495

 Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln
 530 535 540
 Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560

 Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
 565 570 575
 Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
 595 600 605
 Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
 610 615 620

 Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala
 625 630 635 640
 His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
 645 650 655
 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 660 665 670
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe
 675 680 685

 Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe
 690 695 700
 Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu
 705 710 715 720

His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
725 730 735

Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly
740 745 750

Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile
770 775 780

Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg
820 825 830

Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys
835 840 845

Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys
865 870 875 880

Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
885 890 895

Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp
900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
915 920 925

Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp
930 935 940

Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser
945 950 955 960

Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg

965						970						975					
Glu	Ile	Asn	Asn	Tyr	His	His	Ala	His	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Ala	Val		
980						985						990					
Val	Gly	Thr	Ala	Leu	Ile	Lys	Lys	Tyr	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Phe		
995						1000						1005					
Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Arg	Lys	Met	Ile	Ala			
1010						1015						1020					
Lys	Ser	Glu	Gln	Glu	Ile	Gly	Lys	Ala	Thr	Ala	Lys	Tyr	Phe	Phe			
1025						1030						1035					
Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe	Lys	Thr	Glu	Ile	Thr	Leu	Ala			
1040						1045						1050					
Asn	Gly	Glu	Ile	Arg	Lys	Arg	Pro	Leu	Ile	Glu	Thr	Asn	Gly	Glu			
1055						1060						1065					
Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	Lys	Gly	Arg	Asp	Phe	Ala	Thr	Val			
1070						1075						1080					
Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Pro	Gln	Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr			
1085						1090						1095					
Glu	Val	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys			
1100						1105						1110					
Arg	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala	Arg	Lys	Lys	Asp	Trp	Asp	Pro			
1115						1120						1125					
Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Val	Ser	Pro	Thr	Val	Ala	Tyr	Ser	Val			
1130						1135						1140					
Leu	Val	Val	Ala	Lys	Val	Glu	Lys	Gly	Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Lys			
1145						1150						1155					
Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Ser			
1160						1165						1170					
Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Ile	Asp	Phe	Leu	Glu	Ala	Lys	Gly	Tyr	Lys			
1175						1180						1185					
Glu	Val	Lys	Lys	Asp	Leu	Ile	Ile	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu			
1190						1195						1200					

Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly
 1205 1210 1215
 Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val
 1220 1225 1230
 Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser
 1235 1240 1245

 Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys
 1250 1255 1260
 His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys
 1265 1270 1275
 Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala
 1280 1285 1290
 Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn
 1295 1300 1305

 Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala
 1310 1315 1320
 Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Gln Tyr Arg Ser
 1325 1330 1335
 Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
 1340 1345 1350
 Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355 1360 1365

 <210> 6
 <211> 1368
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 6
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110

 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175

 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala
 195 200 205
 Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240

 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe
 245 250 255
 Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp

275 280 285
 Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp
 290 295 300

 Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys
 325 330 335
 Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser
 355 360 365

 Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp
 370 375 380
 Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
 485 490 495

 Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525

Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln
 530 535 540
 Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560

 Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
 565 570 575
 Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
 595 600 605
 Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
 610 615 620

 Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala
 625 630 635 640
 His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
 645 650 655
 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 660 665 670
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe
 675 680 685

 Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe
 690 695 700
 Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu
 705 710 715 720
 His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
 725 730 735
 Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly
 740 745 750

 Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile

770	775	780	
Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro			
785	790	795	800
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu			
	805	810	815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg			
	820	825	830
Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys			
	835	840	845
Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg			
	850	855	860
Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys			
865	870	875	880
Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
	885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp			
	900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
	915	920	925
Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp			
	930	935	940
Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg			
	965	970	975
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
	980	985	990
Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe			
	995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala			
1010	1015	1020	

Lys Ser	Glu Gln Glu Ile Gly	Lys Ala Thr Ala Lys	Tyr Phe Phe
1025	1030	1035	
Tyr Ser	Asn Ile Met Asn Phe	Phe Lys Thr Glu Ile	Thr Leu Ala
1040	1045	1050	
Asn Gly	Glu Ile Arg Lys Arg	Pro Leu Ile Glu Thr	Asn Gly Glu
1055	1060	1065	
Thr Gly	Glu Ile Val Trp Asp	Lys Gly Arg Asp Phe	Ala Thr Val
1070	1075	1080	
Arg Lys	Val Leu Ser Met Pro	Gln Val Asn Ile Val	Lys Lys Thr
1085	1090	1095	
Glu Val	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu Ser Ile	Leu Pro Lys
1100	1105	1110	
Arg Asn	Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys Lys Asp	Trp Asp Pro
1115	1120	1125	
Lys Lys	Tyr Gly Gly Phe Glu	Ser Pro Thr Val Ala	Tyr Ser Val
1130	1135	1140	
Leu Val	Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys Ser Lys	Lys Leu Lys
1145	1150	1155	
Ser Val	Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile Met Glu	Arg Ser Ser
1160	1165	1170	
Phe Glu	Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu Ala Lys	Gly Tyr Lys
1175	1180	1185	
Glu Val	Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu
1190	1195	1200	
Phe Glu	Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met Leu Ala	Ser Ala Gly
1205	1210	1215	
Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu Pro Ser	Lys Tyr Val
1220	1225	1230	
Asn Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu Lys Leu	Lys Gly Ser
1235	1240	1245	
Pro Glu	Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe Val Glu	Gln His Lys

1250 1255 1260
 His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys
 1265 1270 1275
 Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala
 1280 1285 1290
 Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn
 1295 1300 1305

Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala
 1310 1315 1320
 Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Gln Tyr Arg Ser
 1325 1330 1335
 Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
 1340 1345 1350
 Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355 1360 1365

<210> 7

<211> 1053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 7

Met Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Ala Ile Gly Ile Thr Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val Ile Asp Ala Gly
 20 25 30
 Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn Glu Gly Arg Arg
 35 40 45

Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg Arg His Arg Ile
 50 55 60
 Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu Leu Thr Asp His
 65 70 75 80
 Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg Val Lys Gly Leu

85 90 95
 Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala Leu Leu His Leu
 100 105 110

Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val Glu Glu Asp Thr
 115 120 125

Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg Asn Ser Lys Ala
 130 135 140

Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu Arg Leu Lys Lys
 145 150 155 160

Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys Thr Ser Asp Tyr
 165 170 175

Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys Ala Tyr His Gln
 180 185 190

Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu Leu Glu Thr Arg
 195 200 205

Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro Phe Gly Trp Lys
 210 215 220

Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His Cys Thr Tyr Phe
 225 230 235 240

Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn Ala Asp Leu Tyr
 245 250 255

Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr Arg Asp Glu Asn
 260 265 270

Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile Glu Asn Val Phe
 275 280 285

Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala Lys Glu Ile Leu
 290 295 300

Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr Ser Thr Gly Lys
 305 310 315 320

Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile Lys Asp Ile Thr
 325 330 335

Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu Asp Gln Ile Ala
340 345 350

Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile Gln Glu Glu Leu
355 360 365

Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile Glu Gln Ile Ser
370 375 380

Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser Leu Lys Ala Ile
385 390 395 400

Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp Asn Gln Ile Ala
405 410 415

Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val Asp Leu Ser Gln
420 425 430

Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe Ile Leu Ser Pro
435 440 445

Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val Ile Asn Ala Ile
450 455 460

Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile Glu Leu Ala Arg
465 470 475 480

Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn Glu Met Gln Lys
485 490 495

Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile Ile Arg Thr Thr
500 505 510

Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile Lys Leu His Asp
515 520 525

Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala Ile Pro Leu Glu
530 535 540

Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro
545 550 555 560

Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys Val Leu Val Lys
565 570 575

Gln Glu Glu Asn Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro Phe Gln Tyr Leu

580 585 590
 Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe Lys Lys His Ile
 595 600 605
 Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys Thr Lys Lys Glu
 610 615 620

 Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser Val Gln Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala Thr Arg Gly Leu
 645 650 655
 Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn Leu Asp Val Lys
 660 665 670
 Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu Arg Arg Lys Trp
 675 680 685

 Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His His Ala Glu Asp
 690 695 700
 Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys Glu Trp Lys Lys
 705 710 715 720
 Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met Phe Glu Glu Lys
 725 730 735
 Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln Glu Tyr Lys Glu
 740 745 750

 Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys Asp Phe Lys Asp
 755 760 765
 Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro Asn Arg Lys Leu Ile
 770 775 780
 Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp Asp Lys Gly Asn Thr Leu
 785 790 795 800
 Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr Asp Lys Asp Asn Asp Lys Leu
 805 810 815

 Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro Glu Lys Leu Leu Met Tyr His His
 820 825 830

Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys Leu Lys Leu Ile Met Glu Gln Tyr Gly

835 840 845

Asp Glu Lys Asn Pro Leu Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr Gly Asn Tyr

850 855 860

Leu Thr Lys Tyr Ser Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile Lys Lys Ile

865 870 875 880

Lys Tyr Tyr Gly Asn Lys Leu Asn Ala His Leu Asp Ile Thr Asp Asp

885 890 895

Tyr Pro Asn Ser Arg Asn Lys Val Val Lys Leu Ser Leu Lys Pro Tyr

900 905 910

Arg Phe Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly Val Tyr Lys Phe Val Thr Val

915 920 925

Lys Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys Glu Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Ser

930 935 940

Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Leu Lys Lys Ile Ser Asn Gln Ala

945 950 955 960

Glu Phe Ile Ala Ser Phe Tyr Lys Asn Asp Leu Ile Lys Ile Asn Gly

965 970 975

Glu Leu Tyr Arg Val Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu Asn Arg Ile

980 985 990

Glu Val Asn Met Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr Leu Glu Asn Met

995 1000 1005

Asn Asp Lys Arg Pro Pro His Ile Ile Lys Thr Ile Ala Ser Lys

1010 1015 1020

Thr Gln Ser Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile Leu Gly Asn Leu

1025 1030 1035

Tyr Glu Val Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile Ile Lys Lys Gly

1040 1045 1050

<210> 8

<211> 1121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 8

Met Ser Asp Leu Val Leu Gly Leu Ala Ile Gly Ile Gly Ser Val Gly

1 5 10 15
Val Gly Ile Leu Asn Lys Val Thr Gly Glu Ile Ile His Lys Asn Ser

20 25 30
Arg Ile Phe Pro Ala Ala Gln Ala Glu Asn Asn Leu Val Arg Arg Thr

35 40 45
Asn Arg Gln Gly Arg Arg Leu Thr Arg Arg Lys Lys His Arg Arg Val

50 55 60
Arg Leu Asn Arg Leu Phe Glu Glu Ser Gly Leu Ile Thr Asp Phe Thr

65 70 75 80
Lys Ile Ser Ile Asn Leu Asn Pro Tyr Gln Leu Arg Val Lys Gly Leu

85 90 95
Thr Asp Glu Leu Ser Asn Glu Glu Leu Phe Ile Ala Leu Lys Asn Met

100 105 110
Val Lys His Arg Gly Ile Ser Tyr Leu Asp Asp Ala Ser Asp Asp Gly

115 120 125
Asn Ser Ser Ile Gly Asp Tyr Ala Gln Ile Val Lys Glu Asn Ser Lys

130 135 140
Gln Leu Glu Thr Lys Thr Pro Gly Gln Ile Gln Leu Glu Arg Tyr Gln

145 150 155 160
Thr Tyr Gly Gln Leu Arg Gly Asp Phe Thr Val Glu Lys Asp Gly Lys

165 170 175
Lys His Arg Leu Ile Asn Val Phe Pro Thr Ser Ala Tyr Arg Ser Glu

180 185 190
Ala Leu Arg Ile Leu Gln Thr Gln Gln Glu Phe Asn Pro Gln Ile Thr

195 200 205
Asp Glu Phe Ile Asn Arg Tyr Leu Glu Ile Leu Thr Gly Lys Arg Lys

210 215 220
Tyr Tyr His Gly Pro Gly Asn Glu Lys Ser Arg Thr Asp Tyr Gly Arg

225 230 235 240
 Tyr Arg Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asp Asn Ile Phe Gly Ile Leu Ile
 245 250 255
 Gly Lys Cys Thr Phe Tyr Pro Asp Glu Phe Arg Ala Ala Lys Ala Ser

 260 265 270
 Tyr Thr Ala Gln Glu Phe Asn Leu Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Thr
 275 280 285
 Val Pro Thr Glu Thr Lys Lys Leu Ser Lys Glu Gln Lys Asn Gln Ile
 290 295 300
 Ile Asn Tyr Val Lys Asn Glu Lys Ala Met Gly Pro Ala Lys Leu Phe
 305 310 315 320
 Lys Tyr Ile Ala Lys Leu Leu Ser Cys Asp Val Ala Asp Ile Lys Gly

 325 330 335
 Tyr Arg Ile Asp Lys Ser Gly Lys Ala Glu Ile His Thr Phe Glu Ala
 340 345 350
 Tyr Arg Lys Met Lys Thr Leu Glu Thr Leu Asp Ile Glu Gln Met Asp
 355 360 365
 Arg Glu Thr Leu Asp Lys Leu Ala Tyr Val Leu Thr Leu Asn Thr Glu
 370 375 380
 Arg Glu Gly Ile Gln Glu Ala Leu Glu His Glu Phe Ala Asp Gly Ser

 385 390 395 400
 Phe Ser Gln Lys Gln Val Asp Glu Leu Val Gln Phe Arg Lys Ala Asn
 405 410 415
 Ser Ser Ile Phe Gly Lys Gly Trp His Asn Phe Ser Val Lys Leu Met
 420 425 430
 Met Glu Leu Ile Pro Glu Leu Tyr Glu Thr Ser Glu Glu Gln Met Thr
 435 440 445
 Ile Leu Thr Arg Leu Gly Lys Gln Lys Thr Thr Ser Ser Ser Asn Lys

 450 455 460
 Thr Lys Tyr Ile Asp Glu Lys Leu Leu Thr Glu Glu Ile Tyr Asn Pro
 465 470 475 480

Val Val Ala Lys Ser Val Arg Gln Ala Ile Lys Ile Val Asn Ala Ala
485 490 495
Ile Lys Glu Tyr Gly Asp Phe Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
500 505 510
Glu Thr Asn Glu Asp Asp Glu Lys Lys Ala Ile Gln Lys Ile Gln Lys
515 520 525
Ala Asn Lys Asp Glu Lys Asp Ala Ala Met Leu Lys Ala Ala Asn Gln
530 535 540
Tyr Asn Gly Lys Ala Glu Leu Pro His Ser Val Phe His Gly His Lys
545 550 555 560
Gln Leu Ala Thr Lys Ile Arg Leu Trp His Gln Gln Gly Glu Arg Cys
565 570 575
Leu Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ser Ile His Asp Leu Ile Asn Asn Ser
580 585 590
Asn Gln Phe Glu Val Asp His Ile Leu Pro Leu Ser Ile Thr Phe Asp
595 600 605
Asp Ser Leu Ala Asn Lys Val Leu Val Tyr Ala Thr Ala Asn Gln Glu
610 615 620
Lys Gly Gln Arg Thr Pro Tyr Gln Ala Leu Asp Ser Met Asp Asp Ala
625 630 635 640
Trp Ser Phe Arg Glu Leu Lys Ala Phe Val Arg Glu Ser Lys Thr Leu
645 650 655
Ser Asn Lys Lys Lys Glu Tyr Leu Leu Thr Glu Glu Asp Ile Ser Lys
660 665 670
Phe Asp Val Arg Lys Lys Phe Ile Glu Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg
675 680 685
Tyr Ala Ser Arg Val Val Leu Asn Ala Leu Gln Glu His Phe Arg Ala
690 695 700
His Lys Ile Asp Thr Lys Val Ser Val Val Arg Gly Gln Phe Thr Ser
705 710 715 720
Gln Leu Arg Arg His Trp Gly Ile Glu Lys Thr Arg Asp Thr Tyr His

725	730	735	
His His Ala Val Asp Ala Leu Ile Ile Ala Ala Ser Ser Gln Leu Asn			
740	745	750	
Leu Trp Lys Lys Gln Lys Asn Thr Leu Val Ser Tyr Ser Glu Asp Gln			
755	760	765	
Leu Leu Asp Ile Glu Thr Gly Glu Leu Ile Ser Asp Asp Glu Tyr Lys			
770	775	780	
Glu Ser Val Phe Lys Ala Pro Tyr Gln His Phe Val Asp Thr Leu Lys			
785	790	795	800
Ser Lys Glu Phe Glu Asp Ser Ile Leu Phe Ser Tyr Gln Val Asp Ser			
805	810	815	
Lys Phe Asn Arg Lys Ile Ser Asp Ala Thr Ile Tyr Ala Thr Arg Gln			
820	825	830	
Ala Lys Val Gly Lys Asp Lys Ala Asp Glu Thr Tyr Val Leu Gly Lys			
835	840	845	
Ile Lys Asp Ile Tyr Thr Gln Asp Gly Tyr Asp Ala Phe Met Lys Ile			
850	855	860	
Tyr Lys Lys Asp Lys Ser Lys Phe Leu Met Tyr Arg His Asp Pro Gln			
865	870	875	880
Thr Phe Glu Lys Val Ile Glu Pro Ile Leu Glu Asn Tyr Pro Asn Lys			
885	890	895	
Gln Ile Asn Glu Lys Gly Lys Glu Val Pro Cys Asn Pro Phe Leu Lys			
900	905	910	
Tyr Lys Glu Glu His Gly Tyr Ile Arg Lys Tyr Ser Lys Lys Gly Asn			
915	920	925	
Gly Pro Glu Ile Lys Ser Leu Lys Tyr Tyr Asp Ser Lys Leu Gly Asn			
930	935	940	
His Ile Asp Ile Thr Pro Lys Asp Ser Asn Asn Lys Val Val Leu Gln			
945	950	955	960
Ser Val Ser Pro Trp Arg Ala Asp Val Tyr Phe Asn Lys Thr Thr Gly			
965	970	975	

Lys Tyr Glu Ile Leu Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gln Phe Glu Lys
 980 985 990
 Gly Thr Gly Thr Tyr Lys Ile Ser Gln Glu Lys Tyr Asn Asp Ile Lys
 995 1000 1005
 Lys Lys Glu Gly Val Asp Ser Asp Ser Glu Phe Lys Phe Thr Leu
 1010 1015 1020
 Tyr Lys Asn Asp Leu Leu Leu Val Lys Asp Thr Glu Thr Lys Glu
 1025 1030 1035
 Gln Gln Leu Phe Arg Phe Leu Ser Arg Thr Met Pro Lys Gln Lys
 1040 1045 1050
 His Tyr Val Glu Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Gln Lys Phe Glu Gly
 1055 1060 1065
 Gly Glu Ala Leu Ile Lys Val Leu Gly Asn Val Ala Asn Ser Gly
 1070 1075 1080
 Gln Cys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Ser Asn Ile Ser Ile Tyr Lys
 1085 1090 1095
 Val Arg Thr Asp Val Leu Gly Asn Gln His Ile Ile Lys Asn Glu
 1100 1105 1110
 Gly Asp Lys Pro Lys Leu Asp Phe
 1115 1120
 <210> 9
 <211> 1388
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 9
 Met Thr Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asn Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Ser Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45

Gly Val Leu Leu Phe Asp Ser Gly Ile Thr Ala Glu Gly Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Thr Glu Met Ala Thr Leu Asp Asp Ala
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Asp Asp Lys Arg
 100 105 110
 Asp Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Asn Leu Val Glu Glu Lys Val Tyr
 115 120 125
 His Asp Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140

 Ser Thr Lys Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Phe Asn Ser
 165 170 175
 Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Asn Phe Gln Asp Phe Leu Asp Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Ala Ile Phe Glu Ser Asp Leu Ser Leu Glu Asn Ser Lys Gln Leu
 195 200 205

 Glu Glu Ile Val Lys Asp Lys Ile Ser Lys Leu Glu Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Ile Leu Lys Leu Phe Pro Gly Glu Lys Asn Ser Gly Ile Phe Ser Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Arg Lys Cys Phe
 245 250 255
 Asn Leu Asp Glu Lys Ala Ser Leu His Phe Ser Lys Glu Ser Tyr Asp
 260 265 270

 Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Gly Tyr Ile Gly Asp Asp Tyr Ser Asp
 275 280 285
 Val Phe Leu Lys Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290	295	300	
Phe Leu Thr Val Thr Asp Asn Glu Thr Glu Ala Pro Leu Ser Ser Ala			
305	310	315	320
Met Ile Lys Arg Tyr Asn Glu His Lys Glu Asp Leu Ala Leu Leu Lys			
	325	330	335
Glu Tyr Ile Arg Asn Ile Ser Leu Lys Thr Tyr Asn Glu Val Phe Lys			
	340	345	350
Asp Asp Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
	355	360	365
Gln Glu Asp Phe Tyr Val Tyr Leu Lys Asn Leu Leu Ala Glu Phe Glu			
	370	375	380
Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu			
	405	410	415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Leu Asp Lys Gln Ala Lys Phe Tyr Pro Phe			
	420	425	430
Leu Ala Lys Asn Lys Glu Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile			
	435	440	445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Asp Phe Ala Trp			
450	455	460	
Ser Ile Arg Lys Arg Asn Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Asp			
465	470	475	480
Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr			
	485	490	495
Ser Phe Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser			
	500	505	510
Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Asn Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg			
	515	520	525
Phe Ile Ala Glu Ser Met Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Lys Gln			
530	535	540	

Lys Lys Asp Ile Val Arg Leu Tyr Phe Lys Asp Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Asp Lys Asp Ile Ile Glu Tyr Leu His Ala Ile Tyr Gly Tyr Asp Gly
 565 570 575
 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ser Ser Leu Ser Thr
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Asn Ile Ile Asn Asp Lys Glu Phe Leu Asp Asp
 595 600 605
 Ser Ser Asn Glu Ala Ile Ile Glu Glu Ile Ile His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ser Lys Phe Glu Asn
 625 630 635 640
 Ile Phe Asp Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Ser Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Glu
 660 665 670
 Lys Ser Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ile Ser
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ala Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Lys Lys Ile Gln Lys Ala Gln Ile Ile Gly Asp Glu Asp Lys Gly Asn
 705 710 715 720

 Ile Lys Glu Val Val Lys Ser Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly Gly Arg Lys Pro Glu Ser Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Tyr Thr Asn Gln Gly Lys Ser Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Arg
 770 775 780

 Leu Glu Lys Ser Leu Lys Glu Leu Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Asn

785 790 795 800
 Ile Pro Ala Lys Leu Ser Lys Ile Asp Asn Asn Ala Leu Gln Asn Asp
 805 810 815
 Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly
 820 825 830
 Asp Asp Leu Asp Ile Asp Arg Leu Ser Asn Tyr Asp Ile Asp His Ile
 835 840 845

 Ile Pro Gln Ala Phe Leu Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu
 850 855 860
 Val Ser Ser Ala Ser Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Phe Pro Ser Leu
 865 870 875 880
 Glu Val Val Lys Lys Arg Lys Thr Phe Trp Tyr Gln Leu Leu Lys Ser
 885 890 895
 Lys Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg
 900 905 910

 Gly Gly Leu Leu Pro Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Gln Arg Gln Leu
 915 920 925
 Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Arg Leu Leu Asp Glu
 930 935 940
 Lys Phe Asn Asn Lys Lys Asp Glu Asn Asn Arg Ala Val Arg Thr Val
 945 950 955 960
 Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Thr Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp
 965 970 975

 Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Phe His His Ala His
 980 985 990
 Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Ile Ala Ser Ala Leu Leu Lys Lys Tyr
 995 1000 1005
 Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr
 1010 1015 1020
 Asn Ser Phe Arg Glu Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys Val Tyr Phe
 1025 1030 1035

Tyr Ser Asn Ile Met Asn Ile Phe Lys Lys Ser Ile Ser Leu Ala		
1040	1045	1050
Asp Gly Arg Val Ile Glu Arg Pro Leu Ile Glu Val Asn Glu Glu		
1055	1060	1065
Thr Gly Glu Ser Val Trp Asn Lys Glu Ser Asp Leu Ala Thr Val		
1070	1075	1080
Arg Arg Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val		
1085	1090	1095
Glu Glu Gln Asn His Gly Leu Asp Arg Gly Lys Pro Lys Gly Leu		
1100	1105	1110
Phe Asn Ala Asn Leu Ser Ser Lys Pro Lys Pro Asn Ser Asn Glu		
1115	1120	1125
Asn Leu Val Gly Ala Lys Glu Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1130	1135	1140
Gly Tyr Ala Gly Ile Ser Asn Ser Phe Ala Val Leu Val Lys Gly		
1145	1150	1155
Thr Ile Glu Lys Gly Ala Lys Lys Lys Ile Thr Asn Val Leu Glu		
1160	1165	1170
Phe Gln Gly Ile Ser Ile Leu Asp Arg Ile Asn Tyr Arg Lys Asp		
1175	1180	1185
Lys Leu Asn Phe Leu Leu Glu Lys Gly Tyr Lys Asp Ile Glu Leu		
1190	1195	1200
Ile Ile Glu Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Ser Asp Gly		
1205	1210	1215
Ser Arg Arg Met Leu Ala Ser Ile Leu Ser Thr Asn Asn Lys Arg		
1220	1225	1230
Gly Glu Ile His Lys Gly Asn Gln Ile Phe Leu Ser Gln Lys Phe		
1235	1240	1245
Val Lys Leu Leu Tyr His Ala Lys Arg Ile Ser Asn Thr Ile Asn		
1250	1255	1260
Glu Asn His Arg Lys Tyr Val Glu Asn His Lys Lys Glu Phe Glu		

1265 1270 1275

Glu Leu Phe Tyr Tyr Ile Leu Glu Phe Asn Glu Asn Tyr Val Gly

1280 1285 1290

Ala Lys Lys Asn Gly Lys Leu Leu Asn Ser Ala Phe Gln Ser Trp

1295 1300 1305

Gln Asn His Ser Ile Asp Glu Leu Cys Ser Ser Phe Ile Gly Pro

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Glu Arg Lys Gly Leu Phe Glu Leu Thr Ser Arg Gly

1325 1330 1335

Ser Ala Ala Asp Phe Glu Phe Leu Gly Val Lys Ile Pro Arg Tyr

1340 1345 1350

Arg Asp Tyr Thr Pro Ser Ser Leu Leu Lys Asp Ala Thr Leu Ile

1355 1360 1365

His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ala

1370 1375 1380

Lys Leu Gly Glu Gly

1385

<210> 10

<211> 1053

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400

> 10

Met Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Asp Ile Gly Ile Thr Ser Val

1 5 10 15

Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val Ile Asp Ala Gly

20 25 30

Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn Glu Gly Arg Arg

35 40 45

Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg His Arg Ile

50 55 60

Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu Leu Thr Asp His

65	70	75	80
Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg Val Lys Gly Leu			
	85	90	95
Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala Leu Leu His Leu			
	100	105	110
Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val Glu Glu Asp Thr			
	115	120	125
Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg Asn Ser Lys Ala			
	130	135	140
Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu Arg Leu Lys Lys			
	145	150	155
Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys Thr Ser Asp Tyr			
	165	170	175
Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys Ala Tyr His Gln			
	180	185	190
Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu Leu Glu Thr Arg			
	195	200	205
Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro Phe Gly Trp Lys			
	210	215	220
Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His Cys Thr Tyr Phe			
	225	230	235
Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn Ala Asp Leu Tyr			
	245	250	255
Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr Arg Asp Glu Asn			
	260	265	270
Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile Glu Asn Val Phe			
	275	280	285
Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala Lys Glu Ile Leu			
	290	295	300
Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr Ser Thr Gly Lys			
	305	310	315
			320

Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile Lys Asp Ile Thr
325 330 335

Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu Asp Gln Ile Ala
340 345 350

Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile Gln Glu Glu Leu
355 360 365

Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile Glu Gln Ile Ser
370 375 380

Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser Leu Lys Ala Ile
385 390 395 400

Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp Asn Gln Ile Ala
405 410 415

Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val Asp Leu Ser Gln
420 425 430

Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe Ile Leu Ser Pro
435 440 445

Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val Ile Asn Ala Ile
450 455 460

Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile Glu Leu Ala Arg
465 470 475 480

Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn Glu Met Gln Lys
485 490 495

Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile Ile Arg Thr Thr
500 505 510

Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile Lys Leu His Asp
515 520 525

Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala Ile Pro Leu Glu
530 535 540

Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro
545 550 555 560

Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys Val Leu Val Lys

565	570	575
Gln Glu Glu Asn Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro Phe Gln Tyr Leu		
580	585	590
Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe Lys Lys His Ile		
595	600	605
Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys Thr Lys Lys Glu		
610	615	620
Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser Val Gln Lys Asp		
625	630	635
		640
Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala Thr Arg Gly Leu		
645	650	655
Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn Leu Asp Val Lys		
660	665	670
Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu Arg Arg Lys Trp		
675	680	685
Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His His Ala Glu Asp		
690	695	700
Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys Glu Trp Lys Lys		
705	710	715
		720
Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met Phe Glu Glu Lys		
725	730	735
Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln Glu Tyr Lys Glu		
740	745	750
Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys Asp Phe Lys Asp		
755	760	765
Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro Asn Arg Glu Leu Ile		
770	775	780
Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp Asp Lys Gly Asn Thr Leu		
785	790	795
		800
Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr Asp Lys Asp Asn Asp Lys Leu		
805	810	815

Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro Glu Lys Leu Leu Met Tyr His His
820 825 830

Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys Leu Lys Leu Ile Met Glu Gln Tyr Gly
835 840 845

Asp Glu Lys Asn Pro Leu Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr Gly Asn Tyr
850 855 860

Leu Thr Lys Tyr Ser Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile Lys Lys Ile
865 870 875 880

Lys Tyr Tyr Gly Asn Lys Leu Asn Ala His Leu Asp Ile Thr Asp Asp
885 890 895

Tyr Pro Asn Ser Arg Asn Lys Val Val Lys Leu Ser Leu Lys Pro Tyr
900 905 910

Arg Phe Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly Val Tyr Lys Phe Val Thr Val
915 920 925

Lys Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys Glu Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Ser
930 935 940

Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Leu Lys Lys Ile Ser Asn Gln Ala
945 950 955 960

Glu Phe Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Asn Asp Leu Ile Lys Ile Asn Gly
965 970 975

Glu Leu Tyr Arg Val Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu Asn Arg Ile
980 985 990

Glu Val Asn Met Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr Leu Glu Asn Met
995 1000 1005

Asn Asp Lys Arg Pro Pro Arg Ile Ile Lys Thr Ile Ala Ser Lys
1010 1015 1020

Thr Gln Ser Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile Leu Gly Asn Leu
1025 1030 1035

Tyr Glu Val Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile Ile Lys Lys Gly
1040 1045 1050

<210> 11

<211> 1053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 11

Met Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Ala Ile Gly Ile Thr Ser Val

1 5 10 15

Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val Ile Asp Ala Gly

20 25 30

Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn Glu Gly Arg Arg

35 40 45

Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg Arg His Arg Ile

50 55 60

Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu Leu Thr Asp His

65 70 75 80

Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg Val Lys Gly Leu

85 90 95

Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala Leu Leu His Leu

100 105 110

Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val Glu Glu Asp Thr

115 120 125

Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg Asn Ser Lys Ala

130 135 140

Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu Arg Leu Lys Lys

145 150 155 160

Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys Thr Ser Asp Tyr

165 170 175

Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys Ala Tyr His Gln

180 185 190

Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu Leu Glu Thr Arg

195 200 205

Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro Phe Gly Trp Lys

210 215 220

Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His Cys Thr Tyr Phe

225 230 235 240

Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn Ala Asp Leu Tyr

245 250 255

Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr Arg Asp Glu Asn

260 265 270

Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile Glu Asn Val Phe

275 280 285

Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala Lys Glu Ile Leu

290 295 300

Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr Ser Thr Gly Lys

305 310 315 320

Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile Lys Asp Ile Thr

325 330 335

Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu Asp Gln Ile Ala

340 345 350

Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile Gln Glu Glu Leu

355 360 365

Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile Glu Gln Ile Ser

370 375 380

Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser Leu Lys Ala Ile

385 390 395 400

Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp Asn Gln Ile Ala

405 410 415

Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val Asp Leu Ser Gln

420 425 430

Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe Ile Leu Ser Pro

435 440 445

Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val Ile Asn Ala Ile

450 455 460
 Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile Glu Leu Ala Arg

 465 470 475 480
 Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn Glu Met Gln Lys

 485 490 495
 Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile Ile Arg Thr Thr

 500 505 510
 Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile Lys Leu His Asp

 515 520 525
 Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala Ile Pro Leu Glu

 530 535 540
 Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro
 545 550 555 560
 Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys Val Leu Val Lys

 565 570 575
 Gln Glu Glu Asn Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro Phe Gln Tyr Leu

 580 585 590
 Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe Lys Lys His Ile

 595 600 605
 Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys Thr Lys Lys Glu

 610 615 620
 Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser Val Gln Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala Thr Arg Gly Leu

 645 650 655
 Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn Leu Asp Val Lys

 660 665 670
 Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu Arg Arg Lys Trp

 675 680 685
 Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His His Ala Glu Asp

 690 695 700

Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys Glu Trp Lys Lys
705 710 715 720
Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met Phe Glu Glu Lys
725 730 735
Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln Glu Tyr Lys Glu
740 745 750
Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys Asp Phe Lys Asp
755 760 765
Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro Asn Arg Glu Leu Ile
770 775 780
Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp Asp Lys Gly Asn Thr Leu
785 790 795 800
Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr Asp Lys Asp Asn Asp Lys Leu
805 810 815
Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro Glu Lys Leu Leu Met Tyr His His
820 825 830
Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys Leu Lys Leu Ile Met Glu Gln Tyr Gly
835 840 845
Asp Glu Lys Asn Pro Leu Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr Gly Asn Tyr
850 855 860
Leu Thr Lys Tyr Ser Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile Lys Lys Ile
865 870 875 880
Lys Tyr Tyr Gly Asn Lys Leu Asn Ala His Leu Asp Ile Thr Asp Asp
885 890 895
Tyr Pro Asn Ser Arg Asn Lys Val Val Lys Leu Ser Leu Lys Pro Tyr
900 905 910
Arg Phe Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly Val Tyr Lys Phe Val Thr Val
915 920 925
Lys Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys Glu Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Ser
930 935 940
Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Leu Lys Lys Ile Ser Asn Gln Ala

945 950 955 960
 Glu Phe Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Asn Asp Leu Ile Lys Ile Asn Gly
 965 970 975
 Glu Leu Tyr Arg Val Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu Asn Arg Ile

 980 985 990
 Glu Val Asn Met Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr Leu Glu Asn Met
 995 1000 1005
 Asn Asp Lys Arg Pro Pro Arg Ile Ile Lys Thr Ile Ala Ser Lys
 1010 1015 1020
 Thr Gln Ser Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile Leu Gly Asn Leu
 1025 1030 1035
 Tyr Glu Val Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile Ile Lys Lys Gly

 1040 1045 1050
 <210> 12
 <211> 1388
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 12
 Met Thr Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asn Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Ser Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu

 35 40 45
 Gly Val Leu Leu Phe Asp Ser Gly Ile Thr Ala Glu Gly Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Thr Glu Met Ala Thr Leu Asp Asp Ala
 85 90 95

Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Asp Asp Lys Arg

100 105 110

Asp Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Asn Leu Val Glu Glu Lys Val Tyr

115 120 125

His Asp Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Lys Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Phe Asn Ser

165 170 175

Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Asn Phe Gln Asp Phe Leu Asp Thr Tyr

180 185 190

Asn Ala Ile Phe Glu Ser Asp Leu Ser Leu Glu Asn Ser Lys Gln Leu

195 200 205

Glu Glu Ile Val Lys Asp Lys Ile Ser Lys Leu Glu Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Ile Leu Lys Leu Phe Pro Gly Glu Lys Asn Ser Gly Ile Phe Ser Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Arg Lys Cys Phe

245 250 255

Asn Leu Asp Glu Lys Ala Ser Leu His Phe Ser Lys Glu Ser Tyr Asp

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Gly Tyr Ile Gly Asp Asp Tyr Ser Asp

275 280 285

Val Phe Leu Lys Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Phe Leu Thr Val Thr Asp Asn Glu Thr Glu Ala Pro Leu Ser Ser Ala

305 310 315 320

Met Ile Lys Arg Tyr Asn Glu His Lys Glu Asp Leu Ala Leu Leu Lys

325 330 335

Glu Tyr Ile Arg Asn Ile Ser Leu Lys Thr Tyr Asn Glu Val Phe Lys

340 345 350
 Asp Asp Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Asp Phe Tyr Val Tyr Leu Lys Asn Leu Leu Ala Glu Phe Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Leu Asp Lys Gln Ala Lys Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Lys Asn Lys Glu Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ser Ile Arg Lys Arg Asn Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Asp
 465 470 475 480
 Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Ser Phe Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Asn Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Ser Met Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Lys Gln
 530 535 540
 Lys Lys Asp Ile Val Arg Leu Tyr Phe Lys Asp Lys Arg Lys Val Thr

 545 550 555 560
 Asp Lys Asp Ile Ile Glu Tyr Leu His Ala Ile Tyr Gly Tyr Asp Gly
 565 570 575
 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ser Ser Leu Ser Thr
 580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Asn Ile Ile Asn Asp Lys Glu Phe Leu Asp Asp
 595 600 605
 Ser Ser Asn Glu Ala Ile Ile Glu Glu Ile Ile His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ser Lys Phe Glu Asn
 625 630 635 640
 Ile Phe Asp Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Ser Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Glu
 660 665 670
 Lys Ser Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ile Ser
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ala Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Lys Lys Ile Gln Lys Ala Gln Ile Ile Gly Asp Glu Asp Lys Gly Asn
 705 710 715 720
 Ile Lys Glu Val Val Lys Ser Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly Gly Arg Lys Pro Glu Ser Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Tyr Thr Asn Gln Gly Lys Ser Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Arg
 770 775 780
 Leu Glu Lys Ser Leu Lys Glu Leu Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Asn
 785 790 795 800
 Ile Pro Ala Lys Leu Ser Lys Ile Asp Asn Asn Ala Leu Gln Asn Asp
 805 810 815
 Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly
 820 825 830
 Asp Asp Leu Asp Ile Asp Arg Leu Ser Asn Tyr Asp Ile Asp His Ile

835	840	845	
Ile Pro Gln Ala Phe Leu Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu			
850	855	860	
Val Ser Ser Ala Ser Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Phe Pro Ser Leu			
865	870	875	880
Glu Val Val Lys Lys Arg Lys Thr Phe Trp Tyr Gln Leu Leu Lys Ser			
885	890	895	
Lys Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg			
900	905	910	
Gly Gly Leu Leu Pro Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Gln Arg Gln Leu			
915	920	925	
Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Arg Leu Leu Asp Glu			
930	935	940	
Lys Phe Asn Asn Lys Lys Asp Glu Asn Asn Arg Ala Val Arg Thr Val			
945	950	955	960
Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Thr Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp			
965	970	975	
Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Phe His His Ala His			
980	985	990	
Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Ile Ala Ser Ala Leu Leu Lys Lys Tyr			
995	1000	1005	
Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr			
1010	1015	1020	
Asn Ser Phe Arg Glu Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys Val Tyr Phe			
1025	1030	1035	
Tyr Ser Asn Ile Met Asn Ile Phe Lys Lys Ser Ile Ser Leu Ala			
1040	1045	1050	
Asp Gly Arg Val Ile Glu Arg Pro Leu Ile Glu Val Asn Glu Glu			
1055	1060	1065	
Thr Gly Glu Ser Val Trp Asn Lys Glu Ser Asp Leu Ala Thr Val			
1070	1075	1080	

Arg Arg	Val Leu Ser Tyr Pro	Gln Val Asn Val Val	Lys Lys Val
1085	1090	1095	
Glu Glu	Gln Asn His Gly Leu	Asp Arg Gly Lys Pro	Lys Gly Leu
1100	1105	1110	
Phe Asn	Ala Asn Leu Ser Ser	Lys Pro Lys Pro Asn	Ser Asn Glu
1115	1120	1125	
Asn Leu	Val Gly Ala Lys Glu	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1130	1135	1140	
Gly Tyr	Ala Gly Ile Ser Asn	Ser Phe Ala Val Leu	Val Lys Gly
1145	1150	1155	
Thr Ile	Glu Lys Gly Ala Lys	Lys Lys Ile Thr Asn	Val Leu Glu
1160	1165	1170	
Phe Gln	Gly Ile Ser Ile Leu	Asp Arg Ile Asn Tyr	Arg Lys Asp
1175	1180	1185	
Lys Leu	Asn Phe Leu Leu Glu	Lys Gly Tyr Lys Asp	Ile Glu Leu
1190	1195	1200	
Ile Ile	Glu Leu Pro Lys Tyr	Ser Leu Phe Glu Leu	Ser Asp Gly
1205	1210	1215	
Ser Arg	Arg Met Leu Ala Ser	Ile Leu Ser Thr Asn	Asn Lys Arg
1220	1225	1230	
Gly Glu	Ile His Lys Gly Asn	Gln Ile Phe Leu Ser	Gln Lys Phe
1235	1240	1245	
Val Lys	Leu Leu Tyr His Ala	Lys Arg Ile Ser Asn	Thr Ile Asn
1250	1255	1260	
Glu Asn	His Arg Lys Tyr Val	Glu Asn His Lys Lys	Glu Phe Glu
1265	1270	1275	
Glu Leu	Phe Tyr Tyr Ile Leu	Glu Phe Asn Glu Asn	Tyr Val Gly
1280	1285	1290	
Ala Lys	Lys Asn Gly Lys Leu	Leu Asn Ser Ala Phe	Gln Ser Trp
1295	1300	1305	
Gln Asn	His Ser Ile Asp Glu	Leu Cys Ser Ser Phe	Ile Gly Pro

1310 1315 1320
 Thr Gly Ser Glu Arg Lys Gly Leu Phe Glu Leu Thr Ser Arg Gly
 1325 1330 1335
 Ser Ala Ala Asp Phe Glu Phe Leu Gly Val Lys Ile Pro Arg Tyr
 1340 1345 1350
 Arg Asp Tyr Thr Pro Ser Ser Leu Leu Lys Asp Ala Thr Leu Ile

 1355 1360 1365
 His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ala
 1370 1375 1380
 Lys Leu Gly Glu Gly
 1385
 <210> 13
 <211> 1121
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus
 <400> 13
 Met Ser Asp Leu Val Leu Gly Leu Asp Ile Gly Ile Gly Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Val Gly Ile Leu Asn Lys Val Thr Gly Glu Ile Ile His Lys Asn Ser

 20 25 30
 Arg Ile Phe Pro Ala Ala Gln Ala Glu Asn Asn Leu Val Arg Arg Thr
 35 40 45
 Asn Arg Gln Gly Arg Arg Leu Thr Arg Arg Lys Lys His Arg Arg Val
 50 55 60
 Arg Leu Asn Arg Leu Phe Glu Glu Ser Gly Leu Ile Thr Asp Phe Thr
 65 70 75 80
 Lys Ile Ser Ile Asn Leu Asn Pro Tyr Gln Leu Arg Val Lys Gly Leu

 85 90 95
 Thr Asp Glu Leu Ser Asn Glu Glu Leu Phe Ile Ala Leu Lys Asn Met
 100 105 110
 Val Lys His Arg Gly Ile Ser Tyr Leu Asp Asp Ala Ser Asp Asp Gly
 115 120 125

Asn Ser Ser Ile Gly Asp Tyr Ala Gln Ile Val Lys Glu Asn Ser Lys
 130 135 140
 Gln Leu Glu Thr Lys Thr Pro Gly Gln Ile Gln Leu Glu Arg Tyr Gln

 145 150 155 160
 Thr Tyr Gly Gln Leu Arg Gly Asp Phe Thr Val Glu Lys Asp Gly Lys
 165 170 175
 Lys His Arg Leu Ile Asn Val Phe Pro Thr Ser Ala Tyr Arg Ser Glu
 180 185 190
 Ala Leu Arg Ile Leu Gln Thr Gln Gln Glu Phe Asn Pro Gln Ile Thr
 195 200 205
 Asp Glu Phe Ile Asn Arg Tyr Leu Glu Ile Leu Thr Gly Lys Arg Lys

 210 215 220
 Tyr Tyr His Gly Pro Gly Asn Glu Lys Ser Arg Thr Asp Tyr Gly Arg
 225 230 235 240
 Tyr Arg Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asp Asn Ile Phe Gly Ile Leu Ile
 245 250 255
 Gly Lys Cys Thr Phe Tyr Pro Asp Glu Phe Arg Ala Ala Lys Ala Ser
 260 265 270
 Tyr Thr Ala Gln Glu Phe Asn Leu Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Thr

 275 280 285
 Val Pro Thr Glu Thr Lys Lys Leu Ser Lys Glu Gln Lys Asn Gln Ile
 290 295 300
 Ile Asn Tyr Val Lys Asn Glu Lys Ala Met Gly Pro Ala Lys Leu Phe
 305 310 315 320
 Lys Tyr Ile Ala Lys Leu Leu Ser Cys Asp Val Ala Asp Ile Lys Gly
 325 330 335
 Tyr Arg Ile Asp Lys Ser Gly Lys Ala Glu Ile His Thr Phe Glu Ala

 340 345 350
 Tyr Arg Lys Met Lys Thr Leu Glu Thr Leu Asp Ile Glu Gln Met Asp
 355 360 365
 Arg Glu Thr Leu Asp Lys Leu Ala Tyr Val Leu Thr Leu Asn Thr Glu

370 375 380
 Arg Glu Gly Ile Gln Glu Ala Leu Glu His Glu Phe Ala Asp Gly Ser
 385 390 395 400
 Phe Ser Gln Lys Gln Val Asp Glu Leu Val Gln Phe Arg Lys Ala Asn

 405 410 415
 Ser Ser Ile Phe Gly Lys Gly Trp His Asn Phe Ser Val Lys Leu Met
 420 425 430
 Met Glu Leu Ile Pro Glu Leu Tyr Glu Thr Ser Glu Glu Gln Met Thr
 435 440 445
 Ile Leu Thr Arg Leu Gly Lys Gln Lys Thr Thr Ser Ser Ser Asn Lys
 450 455 460
 Thr Lys Tyr Ile Asp Glu Lys Leu Leu Thr Glu Glu Ile Tyr Asn Pro

 465 470 475 480
 Val Val Ala Lys Ser Val Arg Gln Ala Ile Lys Ile Val Asn Ala Ala
 485 490 495
 Ile Lys Glu Tyr Gly Asp Phe Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
 500 505 510
 Glu Thr Asn Glu Asp Asp Glu Lys Lys Ala Ile Gln Lys Ile Gln Lys
 515 520 525
 Ala Asn Lys Asp Glu Lys Asp Ala Ala Met Leu Lys Ala Ala Asn Gln

 530 535 540
 Tyr Asn Gly Lys Ala Glu Leu Pro His Ser Val Phe His Gly His Lys
 545 550 555 560
 Gln Leu Ala Thr Lys Ile Arg Leu Trp His Gln Gln Gly Glu Arg Cys
 565 570 575
 Leu Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ser Ile His Asp Leu Ile Asn Asn Ser
 580 585 590
 Asn Gln Phe Glu Val Asp His Ile Leu Pro Leu Ser Ile Thr Phe Asp

 595 600 605
 Asp Ser Leu Ala Asn Lys Val Leu Val Tyr Ala Thr Ala Asn Gln Glu
 610 615 620

Lys Gly Gln Arg Thr Pro Tyr Gln Ala Leu Asp Ser Met Asp Asp Ala
 625 630 635 640
 Trp Ser Phe Arg Glu Leu Lys Ala Phe Val Arg Glu Ser Lys Thr Leu
 645 650 655
 Ser Asn Lys Lys Lys Glu Tyr Leu Leu Thr Glu Glu Asp Ile Ser Lys
 660 665 670
 Phe Asp Val Arg Lys Lys Phe Ile Glu Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg
 675 680 685
 Tyr Ala Ser Arg Val Val Leu Asn Ala Leu Gln Glu His Phe Arg Ala
 690 695 700
 His Lys Ile Asp Thr Lys Val Ser Val Val Arg Gly Gln Phe Thr Ser
 705 710 715 720
 Gln Leu Arg Arg His Trp Gly Ile Glu Lys Thr Arg Asp Thr Tyr His
 725 730 735
 His His Ala Val Asp Ala Leu Ile Ile Ala Ala Ser Ser Gln Leu Asn
 740 745 750
 Leu Trp Lys Lys Gln Lys Asn Thr Leu Val Ser Tyr Ser Glu Asp Gln
 755 760 765
 Leu Leu Asp Ile Glu Thr Gly Glu Leu Ile Ser Asp Asp Glu Tyr Lys
 770 775 780
 Glu Ser Val Phe Lys Ala Pro Tyr Gln His Phe Val Asp Thr Leu Lys
 785 790 795 800
 Ser Lys Glu Phe Glu Asp Ser Ile Leu Phe Ser Tyr Gln Val Asp Ser
 805 810 815
 Lys Phe Asn Arg Lys Ile Ser Asp Ala Thr Ile Tyr Ala Thr Arg Gln
 820 825 830
 Ala Lys Val Gly Lys Asp Lys Ala Asp Glu Thr Tyr Val Leu Gly Lys
 835 840 845
 Ile Lys Asp Ile Tyr Thr Gln Asp Gly Tyr Asp Ala Phe Met Lys Ile
 850 855 860
 Tyr Lys Lys Asp Lys Ser Lys Phe Leu Met Tyr Arg His Asp Pro Gln

865 870 875 880
 Thr Phe Glu Lys Val Ile Glu Pro Ile Leu Glu Asn Tyr Pro Asn Lys
 885 890 895
 Gln Ile Asn Glu Lys Gly Lys Glu Val Pro Cys Asn Pro Phe Leu Lys
 900 905 910
 Tyr Lys Glu Glu His Gly Tyr Ile Arg Lys Tyr Ser Lys Lys Gly Asn

 915 920 925
 Gly Pro Glu Ile Lys Ser Leu Lys Tyr Tyr Asp Ser Lys Leu Gly Asn
 930 935 940
 His Ile Asp Ile Thr Pro Lys Asp Ser Asn Asn Lys Val Val Leu Gln
 945 950 955 960
 Ser Val Ser Pro Trp Arg Ala Asp Val Tyr Phe Asn Lys Thr Thr Gly
 965 970 975
 Lys Tyr Glu Ile Leu Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gln Phe Glu Lys

 980 985 990
 Gly Thr Gly Thr Tyr Lys Ile Ser Gln Glu Lys Tyr Asn Asp Ile Lys
 995 1000 1005
 Lys Lys Glu Gly Val Asp Ser Asp Ser Glu Phe Lys Phe Thr Leu
 1010 1015 1020
 Tyr Lys Asn Asp Leu Leu Leu Val Lys Asp Thr Glu Thr Lys Glu
 1025 1030 1035
 Gln Gln Leu Phe Arg Phe Leu Ser Arg Thr Met Pro Lys Gln Lys

 1040 1045 1050
 His Tyr Val Glu Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Gln Lys Phe Glu Gly
 1055 1060 1065
 Gly Glu Ala Leu Ile Lys Val Leu Gly Asn Val Ala Asn Ser Gly
 1070 1075 1080
 Gln Cys Lys Lys Gly Leu Gly Lys Ser Asn Ile Ser Ile Tyr Lys
 1085 1090 1095
 Val Arg Thr Asp Val Leu Gly Asn Gln His Ile Ile Lys Asn Glu

 1100 1105 1110

Gly Asp Lys Pro Lys Leu Asp Phe

1115

1120

<210> 14

<211> 345

<212> PRT

<213> Sulfolobus islandicus

<400> 14

Met Glu Val Pro Leu Tyr Asn Ile Phe Gly Asp Asn Tyr Ile Ile Gln

1

5

10

15

Val Ala Thr Glu Ala Glu Asn Ser Thr Ile Tyr Asn Asn Lys Val Glu

20

25

30

Ile Asp Asp Glu Glu Leu Arg Asn Val Leu Asn Leu Ala Tyr Lys Ile

35

40

45

Ala Lys Asn Asn Glu Asp Ala Ala Ala Glu Arg Arg Gly Lys Ala Lys

50

55

60

Lys Lys Lys Gly Glu Glu Gly Glu Thr Thr Thr Ser Asn Ile Ile Leu

65

70

75

80

Pro Leu Ser Gly Asn Asp Lys Asn Pro Trp Thr Glu Thr Leu Lys Cys

85

90

95

Tyr Asn Phe Pro Thr Thr Val Ala Leu Ser Glu Val Phe Lys Asn Phe

100

105

110

Ser Gln Val Lys Glu Cys Glu Glu Val Ser Ala Pro Ser Phe Val Lys

115

120

125

Pro Glu Phe Tyr Lys Phe Gly Arg Ser Pro Gly Met Val Glu Arg Thr

130

135

140

Arg Arg Val Lys Leu Glu Val Glu Pro His Tyr Leu Ile Met Ala Ala

145

150

155

160

Ala Gly Trp Val Leu Thr Arg Leu Gly Lys Ala Lys Val Ser Glu Gly

165

170

175

Asp Tyr Val Gly Val Asn Val Phe Thr Pro Thr Arg Gly Ile Leu Tyr

180

185

190

Ser Leu Ile Gln Asn Val Asn Gly Ile Val Pro Gly Ile Lys Pro Glu

195 200 205
 Thr Ala Phe Gly Leu Trp Ile Ala Arg Lys Val Val Ser Ser Val Thr
 210 215 220
 Asn Pro Asn Val Ser Val Val Ser Ile Tyr Thr Ile Ser Asp Ala Val
 225 230 235 240
 Gly Gln Asn Pro Thr Thr Ile Asn Gly Gly Phe Ser Ile Asp Leu Thr
 245 250 255
 Lys Leu Leu Glu Lys Arg Asp Leu Leu Ser Glu Arg Leu Glu Ala Ile
 260 265 270
 Ala Arg Asn Ala Leu Ser Ile Ser Ser Asn Met Arg Glu Arg Tyr Ile
 275 280 285
 Val Leu Ala Asn Tyr Ile Tyr Glu Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Arg Leu

290 295 300
 Glu Asp Leu Leu Tyr Phe Ala Asn Arg Asp Leu Ile Met Asn Leu Asn
 305 310 315 320
 Ser Asp Asp Gly Lys Val Arg Asp Leu Lys Leu Ile Ser Ala Tyr Val
 325 330 335
 Asn Gly Glu Leu Ile Arg Gly Glu Gly
 340 345

<210> 15

<211> 345

<212> PRT

<213> Sulfolobus islandicus

<400> 15

Met Glu Val Pro Leu Tyr Asn Ile Phe Gly Asp Asn Tyr Ile Ile Gln

1 5 10 15
 Val Ala Thr Glu Ala Glu Asn Ser Thr Ile Tyr Asn Asn Lys Val Glu
 20 25 30
 Ile Asp Asp Glu Glu Leu Arg Asn Val Leu Asn Leu Ala Tyr Lys Ile
 35 40 45
 Ala Lys Asn Asn Glu Asp Ala Ala Ala Glu Arg Arg Gly Lys Ala Lys
 50 55 60

Lys Lys Lys Gly Glu Glu Gly Glu Thr Thr Thr Ser Asn Ile Ile Leu

65 70 75 80

Pro Leu Ser Gly Asn Asp Lys Asn Pro Trp Thr Glu Thr Leu Lys Cys

85 90 95

Tyr Asn Phe Pro Thr Thr Val Ala Leu Ser Glu Val Phe Lys Asn Phe

100 105 110

Ser Gln Val Lys Glu Cys Glu Glu Val Ser Ala Pro Ser Phe Val Lys

115 120 125

Pro Glu Phe Tyr Glu Phe Gly Arg Ser Pro Gly Met Val Glu Arg Thr

130 135 140

Arg Arg Val Lys Leu Glu Val Glu Pro His Tyr Leu Ile Ile Ala Ala

145 150 155 160

Ala Gly Trp Val Leu Thr Arg Leu Gly Lys Ala Lys Val Ser Glu Gly

165 170 175

Asp Tyr Val Gly Val Asn Val Phe Thr Pro Thr Arg Gly Ile Leu Tyr

180 185 190

Ser Leu Ile Gln Asn Val Asn Gly Ile Val Pro Gly Ile Lys Pro Glu

195 200 205

Thr Ala Phe Gly Leu Trp Ile Ala Arg Lys Val Val Ser Ser Val Thr

210 215 220

Asn Pro Asn Val Ser Val Val Arg Ile Tyr Thr Ile Ser Asp Ala Val

225 230 235 240

Gly Gln Asn Pro Thr Thr Ile Asn Gly Gly Phe Ser Ile Asp Leu Thr

245 250 255

Lys Leu Leu Glu Lys Arg Tyr Leu Leu Ser Glu Arg Leu Glu Ala Ile

260 265 270

Ala Arg Asn Ala Leu Ser Ile Ser Ser Asn Met Arg Glu Arg Tyr Ile

275 280 285

Val Leu Ala Asn Tyr Ile Tyr Glu Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Arg Leu

290 295 300

Glu Asp Leu Leu Tyr Phe Ala Asn Arg Asp Leu Ile Met Asn Leu Asn

Ser Asp Asp Gly Lys Val Arg Asp Leu Lys Leu Ile Ser Ala Tyr Val

Asn Gly Glu Leu Ile Arg Gly Glu Gly

340

<210> 16

<211> 1300

<212> PRT

<213> Francisella novicida

<400> 16

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr

1 5 10 15

Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys

20 25 30

Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys

Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu

50 55 60

Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser

65 70 75 80

Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys

85 90 95

Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr

Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile

115 120 125

Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln

130 135 140

Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr

145 150 155 160

Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr

165	170	175	
Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser			
180	185	190	
Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu			
195	200	205	
Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys			
210	215	220	
Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu			
225	230	235	240
Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg			
245	250	255	
Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr			
260	265	270	
Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys			
275	280	285	
Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile			
290	295	300	
Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys			
305	310	315	320
Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser			
325	330	335	
Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met			
340	345	350	
Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys			
355	360	365	
Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln			
370	375	380	
Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala			
405	410	415	

Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn

420 425 430

Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala

435 440 445

Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn

450 455 460

Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala

465 470 475 480

Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys

485 490 495

Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys

500 505 510

Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp

515 520 525

Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His

530 535 540

Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His

545 550 555 560

Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val

565 570 575

Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser

580 585 590

Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly

595 600 605

Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys

610 615 620

Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile

625 630 635 640

Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys

645 650 655

Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val

660 665 670
Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile

675 680 685
Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln

690 695 700
Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe

705 710 715 720
Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp

725 730 735
Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu

740 745 750
Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn

755 760 765
Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr

770 775 780
Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg

785 790 795 800
Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn

805 810 815
Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr

820 825 830
Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala

835 840 845
Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu

850 855 860
Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe

865 870 875 880
His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe

885 890 895
Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His

900 905 910

Ile Leu Ser Ile Asp Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu
915 920 925
Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
930 935 940
Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
945 950 955 960
Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn
965 970 975
Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile
980 985 990
Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Glu Asp Leu
995 1000 1005
Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val
1010 1015 1020
Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu
1025 1030 1035
Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg
1040 1045 1050
Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly
1055 1060 1065
Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser
1070 1075 1080
Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys
1085 1090 1095
Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp
1100 1105 1110
Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe
1115 1120 1125
Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr
1130 1135 1140
Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp

1145 1150 1155
 Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu
 1160 1165 1170
 Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly

1175 1180 1185
 Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe
 1190 1195 1200
 Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg
 1205 1210 1215
 Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val
 1220 1225 1230
 Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys

1235 1240 1245
 Asn Met Pro Gln Asp Ala Asp Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly
 1250 1255 1260
 Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
 1265 1270 1275
 Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu
 1280 1285 1290
 Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
 1295 1300

<210> 17

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 17

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr
 1 5 10 15
 Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys
 20 25 30
 Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys

35 40 45
 Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu
 50 55 60
 Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser
 65 70 75 80
 Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys
 85 90 95
 Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr
 100 105 110

 Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile
 115 120 125
 Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln
 130 135 140
 Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr
 145 150 155 160
 Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr
 165 170 175

 Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser
 180 185 190
 Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu
 195 200 205
 Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys
 210 215 220
 Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu
 225 230 235 240

 Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg
 245 250 255
 Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr
 260 265 270
 Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys
 275 280 285

Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile
 290 295 300

 Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys
 305 310 315 320
 Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser
 325 330 335
 Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met
 340 345 350
 Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys
 355 360 365

 Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln
 370 375 380
 Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala
 405 410 415
 Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
 420 425 430

 Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala
 435 440 445
 Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn
 450 455 460
 Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala
 465 470 475 480
 Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
 485 490 495

 Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys
 500 505 510
 Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp
 515 520 525
 Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His

530 535 540
 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560

 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val
 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly
 595 600 605
 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620

 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile
 625 630 635 640
 Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655
 Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
 660 665 670
 Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile
 675 680 685

 Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
 690 695 700
 Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
 705 710 715 720
 Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
 725 730 735
 Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu
 740 745 750

 Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
 755 760 765
 Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr
 770 775 780

Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
 785 790 795 800
 Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn
 805 810 815

Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
 820 825 830
 Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala
 835 840 845
 Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
 850 855 860
 Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe
 865 870 875 880

His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe
 885 890 895
 Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His
 900 905 910
 Ile Leu Ser Ile Ala Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu
 915 920 925
 Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
 930 935 940

Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
 945 950 955 960
 Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn
 965 970 975
 Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile
 980 985 990
 Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Glu Asp Leu
 995 1000 1005

Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val
 1010 1015 1020
 Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu

1025	1030	1035
Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe	Asp Lys Thr Gly Gly	Val Leu Arg
1040	1045	1050
Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro	Phe Glu Thr Phe Lys	Lys Met Gly
1055	1060	1065
Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr	Tyr Val Pro Ala Gly	Phe Thr Ser
1070	1075	1080
Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly	Phe Val Asn Gln Leu	Tyr Pro Lys
1085	1090	1095
Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser	Gln Glu Phe Phe Ser	Lys Phe Asp
1100	1105	1110
Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp	Lys Gly Tyr Phe Glu	Phe Ser Phe
1115	1120	1125
Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp	Lys Ala Ala Lys Gly	Lys Trp Thr
1130	1135	1140
Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg	Leu Ile Asn Phe Arg	Asn Ser Asp
1145	1150	1155
Lys Asn His Asn Trp Asp Thr	Arg Glu Val Tyr Pro	Thr Lys Glu
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp	Tyr Ser Ile Glu Tyr	Gly His Gly
1175	1180	1185
Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile	Cys Gly Glu Ser Asp	Lys Lys Phe
1190	1195	1200
Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val	Leu Asn Thr Ile Leu	Gln Met Arg
1205	1210	1215
Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu	Leu Asp Tyr Leu Ile	Ser Pro Val
1220	1225	1230
Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe	Phe Asp Ser Arg Gln	Ala Pro Lys
1235	1240	1245
Asn Met Pro Gln Asp Ala Asp	Ala Asn Gly Ala Tyr	His Ile Gly
1250	1255	1260

Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
1265 1270 1275

Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu
1280 1285 1290

Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
1295 1300

<210> 18

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 18

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr
1 5 10 15

Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys
20 25 30

Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys
35 40 45

Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu

50 55 60

Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser
65 70 75 80

Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys
85 90 95

Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr
100 105 110

Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile

115 120 125

Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln
130 135 140

Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr
145 150 155 160

Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr
 165 170 175
 Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser
 180 185 190
 Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu
 195 200 205
 Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys
 210 215 220
 Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu
 225 230 235 240
 Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg
 245 250 255
 Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr
 260 265 270
 Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys
 275 280 285
 Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile
 290 295 300
 Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys
 305 310 315 320
 Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser
 325 330 335
 Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met
 340 345 350
 Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys
 355 360 365
 Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln
 370 375 380
 Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala

405 410 415
 Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
 420 425 430
 Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala

 435 440 445
 Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn
 450 455 460
 Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala
 465 470 475 480
 Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
 485 490 495
 Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys

 500 505 510
 Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp
 515 520 525
 Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His
 530 535 540
 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560
 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val

 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly
 595 600 605
 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620
 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile

 625 630 635 640
 Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655

Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
660 665 670

Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile
675 680 685

Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
690 695 700

Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
705 710 715 720

Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
725 730 735

Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu
740 745 750

Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
755 760 765

Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr
770 775 780

Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
785 790 795 800

Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn
805 810 815

Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
820 825 830

Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala
835 840 845

Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
850 855 860

Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe
865 870 875 880

His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe
885 890 895

Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His

900	905	910	
Ile Leu Ser Ile Asp Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu			
915	920	925	
Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile			
930	935	940	
Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile			
945	950	955	960
Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn			
965	970	975	
Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile			
980	985	990	
Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Ala Asp Leu			
995	1000	1005	
Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val			
1010	1015	1020	
Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu			
1025	1030	1035	
Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg			
1040	1045	1050	
Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly			
1055	1060	1065	
Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser			
1070	1075	1080	
Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys			
1085	1090	1095	
Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp			
1100	1105	1110	
Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe			
1115	1120	1125	
Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr			
1130	1135	1140	

Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp

1145 1150 1155

Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu

1160 1165 1170

Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly

1175 1180 1185

Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe

1190 1195 1200

Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg

1205 1210 1215

Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val

1220 1225 1230

Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys

1235 1240 1245

Asn Met Pro Gln Asp Ala Asp Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly

1250 1255 1260

Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu

1265 1270 1275

Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu

1280 1285 1290

Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn

1295 1300

<210> 19

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 19

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr

1 5 10 15

Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys

20 25 30

Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys
35 40 45
Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu
50 55 60
Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser
65 70 75 80
Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys
85 90 95
Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr
100 105 110
Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile
115 120 125
Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln
130 135 140
Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr
145 150 155 160
Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr
165 170 175
Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser
180 185 190
Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu
195 200 205
Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys
210 215 220
Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu
225 230 235 240
Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg
245 250 255
Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr
260 265 270
Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys

275 280 285
 Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile
 290 295 300
 Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys
 305 310 315 320
 Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser

 325 330 335
 Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met
 340 345 350
 Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys
 355 360 365
 Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln
 370 375 380
 Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr

 385 390 395 400
 Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala
 405 410 415
 Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
 420 425 430
 Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala
 435 440 445
 Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn

 450 455 460
 Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala
 465 470 475 480
 Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
 485 490 495
 Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys
 500 505 510
 Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp

 515 520 525

Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His
 530 535 540
 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560
 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val
 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly
 595 600 605
 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620
 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile
 625 630 635 640
 Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655
 Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
 660 665 670
 Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile
 675 680 685
 Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
 690 695 700
 Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
 705 710 715 720
 Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
 725 730 735
 Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu
 740 745 750
 Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
 755 760 765
 Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr

770 775 780
 Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
 785 790 795 800
 Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn
 805 810 815
 Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
 820 825 830
 Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala

 835 840 845
 Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
 850 855 860
 Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe
 865 870 875 880
 His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe
 885 890 895
 Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His

 900 905 910
 Ile Leu Ser Ile Asp Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu
 915 920 925
 Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
 930 935 940
 Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
 945 950 955 960
 Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn

 965 970 975
 Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile
 980 985 990
 Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Glu Asp Leu
 995 1000 1005
 Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val
 1010 1015 1020

Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu

1025

1030

1035

Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg

1040

1045

1050

Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly

1055

1060

1065

Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser

1070

1075

1080

Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys

1085

1090

1095

Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp

1100

1105

1110

Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe

1115

1120

1125

Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr

1130

1135

1140

Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp

1145

1150

1155

Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu

1160

1165

1170

Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly

1175

1180

1185

Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe

1190

1195

1200

Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg

1205

1210

1215

Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val

1220

1225

1230

Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys

1235

1240

1245

Asn Met Pro Gln Asp Ala Ala Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly

1250 1255 1260
Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu

1265 1270 1275
Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu

1280 1285 1290
Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn

1295 1300

<210> 20

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 20

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr

1 5 10 15

Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys

20 25 30
Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys

35 40 45
Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu

50 55 60
Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser

65 70 75 80
Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys

85 90 95
Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr

100 105 110
Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile

115 120 125
Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln

130 135 140

Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr

145 150 155 160

Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr

165 170 175

Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser

180 185 190

Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu

195 200 205

Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys

210 215 220

Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu

225 230 235 240

Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg

245 250 255

Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr

260 265 270

Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys

275 280 285

Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile

290 295 300

Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys

305 310 315 320

Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser

325 330 335

Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met

340 345 350

Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys

355 360 365

Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln

370 375 380

Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr

385 390 395 400
 Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala

 405 410 415
 Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
 420 425 430
 Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala
 435 440 445
 Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn
 450 455 460
 Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala

 465 470 475 480
 Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
 485 490 495
 Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys
 500 505 510
 Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp
 515 520 525
 Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His

 530 535 540
 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560
 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val
 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly

 595 600 605
 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620
 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile
 625 630 635 640

Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655
 Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
 660 665 670
 Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile
 675 680 685
 Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
 690 695 700
 Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
 705 710 715 720
 Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
 725 730 735
 Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu
 740 745 750
 Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
 755 760 765
 Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr
 770 775 780
 Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
 785 790 795 800
 Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn
 805 810 815
 Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
 820 825 830
 Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala
 835 840 845
 Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
 850 855 860
 Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe
 865 870 875 880
 His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe

885 890 895
 Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His
 900 905 910
 Ile Leu Ser Ile Ala Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu

 915 920 925
 Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
 930 935 940
 Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
 945 950 955 960
 Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn
 965 970 975
 Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile

 980 985 990
 Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Ala Asp Leu
 995 1000 1005
 Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val
 1010 1015 1020
 Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu
 1025 1030 1035
 Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg

 1040 1045 1050
 Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly
 1055 1060 1065
 Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser
 1070 1075 1080
 Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys
 1085 1090 1095
 Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp

 1100 1105 1110
 Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe
 1115 1120 1125

Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr
1130 1135 1140

Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp
1145 1150 1155

Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu
1160 1165 1170

Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly
1175 1180 1185

Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe
1190 1195 1200

Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg
1205 1210 1215

Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val

1220 1225 1230
Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys
1235 1240 1245

Asn Met Pro Gln Asp Ala Asp Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly
1250 1255 1260

Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
1265 1270 1275

Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu

1280 1285 1290
Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
1295 1300

<210> 21

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 21

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr

1 5 10 15

Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys
 20 25 30

 Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys
 35 40 45
 Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu
 50 55 60
 Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser
 65 70 75 80
 Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys
 85 90 95

 Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr
 100 105 110
 Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile
 115 120 125
 Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln
 130 135 140
 Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr
 145 150 155 160

 Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr
 165 170 175
 Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser
 180 185 190
 Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu
 195 200 205
 Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys
 210 215 220

 Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu
 225 230 235 240
 Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg
 245 250 255
 Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr

260	265	270
Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys		
275	280	285
Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile		
290	295	300
Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys		
305	310	315
Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser		
325	330	335
Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met		
340	345	350
Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys		
355	360	365
Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln		
370	375	380
Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr		
385	390	395
Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala		
405	410	415
Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn		
420	425	430
Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala		
435	440	445
Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn		
450	455	460
Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala		
465	470	475
Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys		
485	490	495
Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys		
500	505	510

Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp
 515 520 525
 Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His
 530 535 540

 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560
 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val
 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly
 595 600 605

 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620
 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile
 625 630 635 640
 Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655
 Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
 660 665 670

 Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile
 675 680 685
 Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
 690 695 700
 Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
 705 710 715 720
 Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
 725 730 735

 Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu
 740 745 750
 Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn

755	760	765	
Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr			
770	775	780	
Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg			
785	790	795	800
Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn			
805	810	815	
Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr			
820	825	830	
Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala			
835	840	845	
Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu			
850	855	860	
Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe			
865	870	875	880
His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe			
885	890	895	
Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His			
900	905	910	
Ile Leu Ser Ile Ala Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu			
915	920	925	
Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile			
930	935	940	
Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile			
945	950	955	960
Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn			
965	970	975	
Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile			
980	985	990	
Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Glu Asp Leu			
995	1000	1005	

Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly	Arg Phe Lys Val Glu	Lys Gln Val
1010	1015	1020
Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met	Leu Ile Glu Lys Leu	Asn Tyr Leu
1025	1030	1035
Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe	Asp Lys Thr Gly Gly	Val Leu Arg
1040	1045	1050
Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro	Phe Glu Thr Phe Lys	Lys Met Gly
1055	1060	1065
Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr	Tyr Val Pro Ala Gly	Phe Thr Ser
1070	1075	1080
Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly	Phe Val Asn Gln Leu	Tyr Pro Lys
1085	1090	1095
Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser	Gln Glu Phe Phe Ser	Lys Phe Asp
1100	1105	1110
Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp	Lys Gly Tyr Phe Glu	Phe Ser Phe
1115	1120	1125
Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp	Lys Ala Ala Lys Gly	Lys Trp Thr
1130	1135	1140
Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg	Leu Ile Asn Phe Arg	Asn Ser Asp
1145	1150	1155
Lys Asn His Asn Trp Asp Thr	Arg Glu Val Tyr Pro	Thr Lys Glu
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp	Tyr Ser Ile Glu Tyr	Gly His Gly
1175	1180	1185
Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile	Cys Gly Glu Ser Asp	Lys Lys Phe
1190	1195	1200
Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val	Leu Asn Thr Ile Leu	Gln Met Arg
1205	1210	1215
Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu	Leu Asp Tyr Leu Ile	Ser Pro Val
1220	1225	1230
Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe	Phe Asp Ser Arg Gln	Ala Pro Lys

1235 1240 1245
 Asn Met Pro Gln Asp Ala Ala Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly
 1250 1255 1260
 Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
 1265 1270 1275
 Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu
 1280 1285 1290

 Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
 1295 1300
 <210> 22
 <211> 1300
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 22
 Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr
 1 5 10 15
 Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys
 20 25 30
 Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys

 35 40 45
 Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu
 50 55 60
 Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser
 65 70 75 80
 Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys
 85 90 95
 Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr

 100 105 110
 Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile
 115 120 125
 Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln

130 135 140
 Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr
 145 150 155 160
 Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr

 165 170 175
 Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser
 180 185 190
 Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu
 195 200 205
 Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys
 210 215 220
 Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu

 225 230 235 240
 Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg
 245 250 255
 Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr
 260 265 270
 Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys
 275 280 285
 Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile

 290 295 300
 Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys
 305 310 315 320
 Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser
 325 330 335
 Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met
 340 345 350
 Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys

 355 360 365
 Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln
 370 375 380

Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala
 405 410 415
 Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
 420 425 430
 Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala
 435 440 445
 Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn
 450 455 460
 Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala
 465 470 475 480
 Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
 485 490 495
 Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys
 500 505 510
 Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp
 515 520 525
 Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His
 530 535 540
 Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His
 545 550 555 560
 Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val
 565 570 575
 Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser
 580 585 590
 Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly
 595 600 605
 Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys
 610 615 620
 Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile

625 630 635 640
 Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys
 645 650 655
 Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val
 660 665 670
 Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile

 675 680 685
 Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln
 690 695 700
 Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe
 705 710 715 720
 Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp
 725 730 735
 Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu

 740 745 750
 Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
 755 760 765
 Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr
 770 775 780
 Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
 785 790 795 800
 Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn

 805 810 815
 Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
 820 825 830
 Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala
 835 840 845
 Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
 850 855 860
 Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe

 865 870 875 880

His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe
 885 890 895
 Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His
 900 905 910
 Ile Leu Ser Ile Asp Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu
 915 920 925
 Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
 930 935 940
 Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
 945 950 955 960
 Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn
 965 970 975
 Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile
 980 985 990
 Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Ala Asp Leu
 995 1000 1005
 Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val
 1010 1015 1020
 Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu
 1025 1030 1035
 Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg
 1040 1045 1050
 Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly
 1055 1060 1065
 Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser
 1070 1075 1080
 Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys
 1085 1090 1095
 Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp
 1100 1105 1110
 Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe

1115 1120 1125
 Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr
 1130 1135 1140
 Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp
 1145 1150 1155
 Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu
 1160 1165 1170
 Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly

1175 1180 1185
 Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe
 1190 1195 1200
 Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg
 1205 1210 1215
 Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val
 1220 1225 1230
 Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys

1235 1240 1245
 Asn Met Pro Gln Asp Ala Ala Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly
 1250 1255 1260
 Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
 1265 1270 1275
 Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu
 1280 1285 1290
 Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
 1295 1300

<210> 23

<211> 1300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 23

Met Ser Ile Tyr Gln Glu Phe Val Asn Lys Tyr Ser Leu Ser Lys Thr

1	5	10	15
Leu Arg Phe Glu Leu Ile Pro Gln Gly Lys Thr Leu Glu Asn Ile Lys			
	20	25	30
Ala Arg Gly Leu Ile Leu Asp Asp Glu Lys Arg Ala Lys Asp Tyr Lys			
	35	40	45
Lys Ala Lys Gln Ile Ile Asp Lys Tyr His Gln Phe Phe Ile Glu Glu			
	50	55	60
Ile Leu Ser Ser Val Cys Ile Ser Glu Asp Leu Leu Gln Asn Tyr Ser			
65	70	75	80
Asp Val Tyr Phe Lys Leu Lys Lys Ser Asp Asp Asp Asn Leu Gln Lys			
	85	90	95
Asp Phe Lys Ser Ala Lys Asp Thr Ile Lys Lys Gln Ile Ser Glu Tyr			
	100	105	110
Ile Lys Asp Ser Glu Lys Phe Lys Asn Leu Phe Asn Gln Asn Leu Ile			
	115	120	125
Asp Ala Lys Lys Gly Gln Glu Ser Asp Leu Ile Leu Trp Leu Lys Gln			
	130	135	140
Ser Lys Asp Asn Gly Ile Glu Leu Phe Lys Ala Asn Ser Asp Ile Thr			
145	150	155	160
Asp Ile Asp Glu Ala Leu Glu Ile Ile Lys Ser Phe Lys Gly Trp Thr			
	165	170	175
Thr Tyr Phe Lys Gly Phe His Glu Asn Arg Lys Asn Val Tyr Ser Ser			
	180	185	190
Asn Asp Ile Pro Thr Ser Ile Ile Tyr Arg Ile Val Asp Asp Asn Leu			
	195	200	205
Pro Lys Phe Leu Glu Asn Lys Ala Lys Tyr Glu Ser Leu Lys Asp Lys			
	210	215	220
Ala Pro Glu Ala Ile Asn Tyr Glu Gln Ile Lys Lys Asp Leu Ala Glu			
225	230	235	240
Glu Leu Thr Phe Asp Ile Asp Tyr Lys Thr Ser Glu Val Asn Gln Arg			
	245	250	255

Val Phe Ser Leu Asp Glu Val Phe Glu Ile Ala Asn Phe Asn Asn Tyr
260 265 270

Leu Asn Gln Ser Gly Ile Thr Lys Phe Asn Thr Ile Ile Gly Gly Lys
275 280 285

Phe Val Asn Gly Glu Asn Thr Lys Arg Lys Gly Ile Asn Glu Tyr Ile
290 295 300

Asn Leu Tyr Ser Gln Gln Ile Asn Asp Lys Thr Leu Lys Lys Tyr Lys
305 310 315 320

Met Ser Val Leu Phe Lys Gln Ile Leu Ser Asp Thr Glu Ser Lys Ser
325 330 335

Phe Val Ile Asp Lys Leu Glu Asp Asp Ser Asp Val Val Thr Thr Met
340 345 350

Gln Ser Phe Tyr Glu Gln Ile Ala Ala Phe Lys Thr Val Glu Glu Lys
355 360 365

Ser Ile Lys Glu Thr Leu Ser Leu Leu Phe Asp Asp Leu Lys Ala Gln
370 375 380

Lys Leu Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Phe Lys Asn Asp Lys Ser Leu Thr
385 390 395 400

Asp Leu Ser Gln Gln Val Phe Asp Asp Tyr Ser Val Ile Gly Thr Ala
405 410 415

Val Leu Glu Tyr Ile Thr Gln Gln Ile Ala Pro Lys Asn Leu Asp Asn
420 425 430

Pro Ser Lys Lys Glu Gln Glu Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Lys Ala
435 440 445

Lys Tyr Leu Ser Leu Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Glu Glu Phe Asn
450 455 460

Lys His Arg Asp Ile Asp Lys Gln Cys Arg Phe Glu Glu Ile Leu Ala
465 470 475 480

Asn Phe Ala Ala Ile Pro Met Ile Phe Asp Glu Ile Ala Gln Asn Lys
485 490 495

Asp Asn Leu Ala Gln Ile Ser Ile Lys Tyr Gln Asn Gln Gly Lys Lys

500	505	510	
Asp Leu Leu Gln Ala Ser Ala Glu Asp Asp Val Lys Ala Ile Lys Asp			
515	520	525	
Leu Leu Asp Gln Thr Asn Asn Leu Leu His Lys Leu Lys Ile Phe His			
530	535	540	
Ile Ser Gln Ser Glu Asp Lys Ala Asn Ile Leu Asp Lys Asp Glu His			
545	550	555	560
Phe Tyr Leu Val Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Leu Ala Asn Ile Val			
565	570	575	
Pro Leu Tyr Asn Lys Ile Arg Asn Tyr Ile Thr Gln Lys Pro Tyr Ser			
580	585	590	
Asp Glu Lys Phe Lys Leu Asn Phe Glu Asn Ser Thr Leu Ala Asn Gly			
595	600	605	
Trp Asp Lys Asn Lys Glu Pro Asp Asn Thr Ala Ile Leu Phe Ile Lys			
610	615	620	
Asp Asp Lys Tyr Tyr Leu Gly Val Met Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ile			
625	630	635	640
Phe Asp Asp Lys Ala Ile Lys Glu Asn Lys Gly Glu Gly Tyr Lys Lys			
645	650	655	
Ile Val Tyr Lys Leu Leu Pro Gly Ala Asn Lys Met Leu Pro Lys Val			
660	665	670	
Phe Phe Ser Ala Lys Ser Ile Lys Phe Tyr Asn Pro Ser Glu Asp Ile			
675	680	685	
Leu Arg Ile Arg Asn His Ser Thr His Thr Lys Asn Gly Ser Pro Gln			
690	695	700	
Lys Gly Tyr Glu Lys Phe Glu Phe Asn Ile Glu Asp Cys Arg Lys Phe			
705	710	715	720
Ile Asp Phe Tyr Lys Gln Ser Ile Ser Lys His Pro Glu Trp Lys Asp			
725	730	735	
Phe Gly Phe Arg Phe Ser Asp Thr Gln Arg Tyr Asn Ser Ile Asp Glu			
740	745	750	

Phe Tyr Arg Glu Val Glu Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Thr Phe Glu Asn
 755 760 765
 Ile Ser Glu Ser Tyr Ile Asp Ser Val Val Asn Gln Gly Lys Leu Tyr
 770 775 780
 Leu Phe Gln Ile Tyr Asn Lys Asp Phe Ser Ala Tyr Ser Lys Gly Arg
 785 790 795 800
 Pro Asn Leu His Thr Leu Tyr Trp Lys Ala Leu Phe Asp Glu Arg Asn
 805 810 815

 Leu Gln Asp Val Val Tyr Lys Leu Asn Gly Glu Ala Glu Leu Phe Tyr
 820 825 830
 Arg Lys Gln Ser Ile Pro Lys Lys Ile Thr His Pro Ala Lys Glu Ala
 835 840 845
 Ile Ala Asn Lys Asn Lys Asp Asn Pro Lys Lys Glu Ser Val Phe Glu
 850 855 860
 Tyr Asp Leu Ile Lys Asp Lys Arg Phe Thr Glu Asp Lys Phe Phe Phe
 865 870 875 880

 His Cys Pro Ile Thr Ile Asn Phe Lys Ser Ser Gly Ala Asn Lys Phe
 885 890 895
 Asn Asp Glu Ile Asn Leu Leu Leu Lys Glu Lys Ala Asn Asp Val His
 900 905 910
 Ile Leu Ser Ile Ala Arg Gly Glu Arg His Leu Ala Tyr Tyr Thr Leu
 915 920 925
 Val Asp Gly Lys Gly Asn Ile Ile Lys Gln Asp Thr Phe Asn Ile Ile
 930 935 940

 Gly Asn Asp Arg Met Lys Thr Asn Tyr His Asp Lys Leu Ala Ala Ile
 945 950 955 960
 Glu Lys Asp Arg Asp Ser Ala Arg Lys Asp Trp Lys Lys Ile Asn Asn
 965 970 975
 Ile Lys Glu Met Lys Glu Gly Tyr Leu Ser Gln Val Val His Glu Ile
 980 985 990
 Ala Lys Leu Val Ile Glu Tyr Asn Ala Ile Val Val Phe Ala Asp Leu

995	1000	1005
Asn Phe Gly Phe Lys Arg Gly Arg Phe Lys Val Glu Lys Gln Val		
1010	1015	1020
Tyr Gln Lys Leu Glu Lys Met Leu Ile Glu Lys Leu Asn Tyr Leu		
1025	1030	1035
Val Phe Lys Asp Asn Glu Phe Asp Lys Thr Gly Gly Val Leu Arg		
1040	1045	1050
Ala Tyr Gln Leu Thr Ala Pro Phe Glu Thr Phe Lys Lys Met Gly		
1055	1060	1065
Lys Gln Thr Gly Ile Ile Tyr Tyr Val Pro Ala Gly Phe Thr Ser		
1070	1075	1080
Lys Ile Cys Pro Val Thr Gly Phe Val Asn Gln Leu Tyr Pro Lys		
1085	1090	1095
Tyr Glu Ser Val Ser Lys Ser Gln Glu Phe Phe Ser Lys Phe Asp		
1100	1105	1110
Lys Ile Cys Tyr Asn Leu Asp Lys Gly Tyr Phe Glu Phe Ser Phe		
1115	1120	1125
Asp Tyr Lys Asn Phe Gly Asp Lys Ala Ala Lys Gly Lys Trp Thr		
1130	1135	1140
Ile Ala Ser Phe Gly Ser Arg Leu Ile Asn Phe Arg Asn Ser Asp		
1145	1150	1155
Lys Asn His Asn Trp Asp Thr Arg Glu Val Tyr Pro Thr Lys Glu		
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Leu Leu Lys Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Gly His Gly		
1175	1180	1185
Glu Cys Ile Lys Ala Ala Ile Cys Gly Glu Ser Asp Lys Lys Phe		
1190	1195	1200
Phe Ala Lys Leu Thr Ser Val Leu Asn Thr Ile Leu Gln Met Arg		
1205	1210	1215
Asn Ser Lys Thr Gly Thr Glu Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Pro Val		
1220	1225	1230

Ala Asp Val Asn Gly Asn Phe Phe Asp Ser Arg Gln Ala Pro Lys
1235 1240 1245

Asn Met Pro Gln Asp Ala Ala Ala Asn Gly Ala Tyr His Ile Gly
1250 1255 1260

Leu Lys Gly Leu Met Leu Leu Gly Arg Ile Lys Asn Asn Gln Glu
1265 1270 1275

Gly Lys Lys Leu Asn Leu Val Ile Lys Asn Glu Glu Tyr Phe Glu
1280 1285 1290

Phe Val Gln Asn Arg Asn Asn
1295 1300

<210> 24

<211> 887

<212> PRT

<213> *Natronobacterium gregoryi*

<400> 24

Met Thr Val Ile Asp Leu Asp Ser Thr Thr Thr Ala Asp Glu Leu Thr
1 5 10 15

Ser Gly His Thr Tyr Asp Ile Ser Val Thr Leu Thr Gly Val Tyr Asp
20 25 30

Asn Thr Asp Glu Gln His Pro Arg Met Ser Leu Ala Phe Glu Gln Asp
35 40 45

Asn Gly Glu Arg Arg Tyr Ile Thr Leu Trp Lys Asn Thr Thr Pro Lys
50 55 60

Asp Val Phe Thr Tyr Asp Tyr Ala Thr Gly Ser Thr Tyr Ile Phe Thr
65 70 75 80

Asn Ile Asp Tyr Glu Val Lys Asp Gly Tyr Glu Asn Leu Thr Ala Thr
85 90 95

Tyr Gln Thr Thr Val Glu Asn Ala Thr Ala Gln Glu Val Gly Thr Thr
100 105 110

Asp Glu Asp Glu Thr Phe Ala Gly Gly Glu Pro Leu Asp His His Leu
115 120 125

Asp Asp Ala Leu Asn Glu Thr Pro Asp Asp Ala Glu Thr Glu Ser Asp
 130 135 140
 Ser Gly His Val Met Thr Ser Phe Ala Ser Arg Asp Gln Leu Pro Glu
 145 150 155 160
 Trp Thr Leu His Thr Tyr Thr Leu Thr Ala Thr Asp Gly Ala Lys Thr
 165 170 175
 Asp Thr Glu Tyr Ala Arg Arg Thr Leu Ala Tyr Thr Val Arg Gln Glu
 180 185 190

 Leu Tyr Thr Asp His Asp Ala Ala Pro Val Ala Thr Asp Gly Leu Met
 195 200 205
 Leu Leu Thr Pro Glu Pro Leu Gly Glu Thr Pro Leu Asp Leu Asp Cys
 210 215 220
 Gly Val Arg Val Glu Ala Asp Glu Thr Arg Thr Leu Asp Tyr Thr Thr
 225 230 235 240
 Ala Lys Asp Arg Leu Leu Ala Arg Glu Leu Val Glu Glu Gly Leu Lys
 245 250 255

 Arg Ser Leu Trp Asp Asp Tyr Leu Val Arg Gly Ile Asp Glu Val Leu
 260 265 270
 Ser Lys Glu Pro Val Leu Thr Cys Asp Glu Phe Asp Leu His Glu Arg
 275 280 285
 Tyr Asp Leu Ser Val Glu Val Gly His Ser Gly Arg Ala Tyr Leu His
 290 295 300
 Ile Asn Phe Arg His Arg Phe Val Pro Lys Leu Thr Leu Ala Asp Ile
 305 310 315 320

 Asp Asp Asp Asn Ile Tyr Pro Gly Leu Arg Val Lys Thr Thr Tyr Arg
 325 330 335
 Pro Arg Arg Gly His Ile Val Trp Gly Leu Arg Asp Glu Cys Ala Thr
 340 345 350
 Asp Ser Leu Asn Thr Leu Gly Asn Gln Ser Val Val Ala Tyr His Arg
 355 360 365
 Asn Asn Gln Thr Pro Ile Asn Thr Asp Leu Leu Asp Ala Ile Glu Ala

370	375	380	
Ala Asp Arg Arg Val Val Glu Thr Arg Arg Gln Gly His Gly Asp Asp			
385	390	395	400
Ala Val Ser Phe Pro Gln Glu Leu Leu Ala Val Glu Pro Asn Thr His			
	405	410	415
Gln Ile Lys Gln Phe Ala Ser Asp Gly Phe His Gln Gln Ala Arg Ser			
	420	425	430
Lys Thr Arg Leu Ser Ala Ser Arg Cys Ser Glu Lys Ala Gln Ala Phe			
	435	440	445
Ala Glu Arg Leu Asp Pro Val Arg Leu Asn Gly Ser Thr Val Glu Phe			
	450	455	460
Ser Ser Glu Phe Phe Thr Gly Asn Asn Glu Gln Gln Leu Arg Leu Leu			
465	470	475	480
Tyr Glu Asn Gly Glu Ser Val Leu Thr Phe Arg Asp Gly Ala Arg Gly			
	485	490	495
Ala His Pro Asp Glu Thr Phe Ser Lys Gly Ile Val Asn Pro Pro Glu			
	500	505	510
Ser Phe Glu Val Ala Val Val Leu Pro Glu Gln Gln Ala Asp Thr Cys			
	515	520	525
Lys Ala Gln Trp Asp Thr Met Ala Asp Leu Leu Asn Gln Ala Gly Ala			
	530	535	540
Pro Pro Thr Arg Ser Glu Thr Val Gln Tyr Asp Ala Phe Ser Ser Pro			
545	550	555	560
Glu Ser Ile Ser Leu Asn Val Ala Gly Ala Ile Asp Pro Ser Glu Val			
	565	570	575
Asp Ala Ala Phe Val Val Leu Pro Pro Asp Gln Glu Gly Phe Ala Asp			
	580	585	590
Leu Ala Ser Pro Thr Glu Thr Tyr Asp Glu Leu Lys Lys Ala Leu Ala			
	595	600	605
Asn Met Gly Ile Tyr Ser Gln Met Ala Tyr Phe Asp Arg Phe Arg Asp			
610	615	620	

Ala Lys Ile Phe Tyr Thr Arg Asn Val Ala Leu Gly Leu Leu Ala Ala
625 630 635 640

Ala Gly Gly Val Ala Phe Thr Thr Glu His Ala Met Pro Gly Asp Ala
645 650 655

Asp Met Phe Ile Gly Ile Asp Val Ser Arg Ser Tyr Pro Glu Asp Gly
660 665 670

Ala Ser Gly Gln Ile Asn Ile Ala Ala Thr Ala Thr Ala Val Tyr Lys
675 680 685

Asp Gly Thr Ile Leu Gly His Ser Ser Thr Arg Pro Gln Leu Gly Glu
690 695 700

Lys Leu Gln Ser Thr Asp Val Arg Asp Ile Met Lys Asn Ala Ile Leu
705 710 715 720

Gly Tyr Gln Gln Val Thr Gly Glu Ser Pro Thr His Ile Val Ile His
725 730 735

Arg Asp Gly Phe Met Asn Glu Asp Leu Asp Pro Ala Thr Glu Phe Leu
740 745 750

Asn Glu Gln Gly Val Glu Tyr Asp Ile Val Glu Ile Arg Lys Gln Pro
755 760 765

Gln Thr Arg Leu Leu Ala Val Ser Asp Val Gln Tyr Asp Thr Pro Val
770 775 780

Lys Ser Ile Ala Ala Ile Asn Gln Asn Glu Pro Arg Ala Thr Val Ala
785 790 795 800

Thr Phe Gly Ala Pro Glu Tyr Leu Ala Thr Arg Asp Gly Gly Gly Leu
805 810 815

Pro Arg Pro Ile Gln Ile Glu Arg Val Ala Gly Glu Thr Asp Ile Glu
820 825 830

Thr Leu Thr Arg Gln Val Tyr Leu Leu Ser Gln Ser His Ile Gln Val
835 840 845

His Asn Ser Thr Ala Arg Leu Pro Ile Thr Thr Ala Tyr Ala Asp Gln
850 855 860

Ala Ser Thr His Ala Thr Lys Gly Tyr Leu Val Gln Thr Gly Ala Phe

865	870	875	880
Glu Ser Asn Val Gly Phe Leu			
	885		
<210>	25		
<211>	1367		
<212>	PRT		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polypeptide		
<400>	25		
Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly			
1	5	10	15
Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys			
	20	25	30
Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly			
	35	40	45
Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys			
	50	55	60
Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr			
65	70	75	80
Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe			
	85	90	95
Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His			
	100	105	110
Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His			
	115	120	125
Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser			
	130	135	140
Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met			
145	150	155	160
Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp			
	165	170	175

Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn

180 185 190
Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

305 310 315 320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly

370 375 380
Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

420 425 430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

435 440 445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

450 455 460
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

465 470 475 480
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Ala

485 490 495
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu

500 505 510
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515 520 525
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys

530 535 540
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val

545 550 555 560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser

565 570 575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu

610 615 620
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His

625 630 635 640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

645 650 655
Gly Trp Gly Ala Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala
675 680 685

Asn Arg Asn Phe Met Ala Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys
690 695 700

Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His
705 710 715 720

Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735

Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg
740 745 750

His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr
755 760 765

Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu
770 775 780

Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val
785 790 795 800

Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln
805 810 815

Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu
820 825 830

Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp
835 840 845

Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly
850 855 860

Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn
865 870 875 880

Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe
885 890 895

Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys
900 905 910

Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Ala Ile Thr Lys

915 920 925
 His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu
 930 935 940
 Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys

 945 950 955 960
 Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu
 965 970 975
 Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val
 980 985 990
 Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val
 995 1000 1005
 Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys

 1010 1015 1020
 Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr
 1025 1030 1035
 Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn
 1040 1045 1050
 Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr
 1055 1060 1065
 Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg

 1070 1075 1080
 Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu
 1085 1090 1095
 Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg
 1100 1105 1110
 Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys
 1115 1120 1125
 Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu

 1130 1135 1140
 Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser
 1145 1150 1155

Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met Glu Arg	Ser Ser Phe
1160	1165	1170	
Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala Lys Gly	Tyr Lys Glu
1175	1180	1185	
Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro Lys Tyr	Ser Leu Phe
1190	1195	1200	
Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu Ala Ser	Ala Gly Glu
1205	1210	1215	
Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro Ser Lys	Tyr Val Asn
1220	1225	1230	
Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys Leu Lys	Gly Ser Pro
1235	1240	1245	
Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val Glu Gln	His Lys His
1250	1255	1260	
Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser Glu Phe	Ser Lys Arg
1265	1270	1275	
Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys Val Leu	Ser Ala Tyr
1280	1285	1290	
Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu Gln Ala	Glu Asn Ile
1295	1300	1305	
Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly Ala Pro	Ala Ala Phe
1310	1315	1320	
Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys Arg Tyr	Thr Ser Thr
1325	1330	1335	
Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His Gln Ser	Ile Thr Gly
1340	1345	1350	
Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln Leu Gly	Gly Asp
1355	1360	1365	
<210>	26		
<211>	1210		
<212>	PRT		

<213> Parcubacteria

<400> 26

Met Ser Lys Arg His Pro Arg Ile Ser Gly Val Lys Gly Tyr Arg Leu

1 5 10 15

His Ala Gln Arg Leu Glu Tyr Thr Gly Lys Ser Gly Ala Met Arg Thr

20 25 30

Ile Lys Tyr Pro Leu Tyr Ser Ser Pro Ser Gly Gly Arg Thr Val Pro

35 40 45

Arg Glu Ile Val Ser Ala Ile Asn Asp Asp Tyr Val Gly Leu Tyr Gly

50 55 60

Leu Ser Asn Phe Asp Asp Leu Tyr Asn Ala Glu Lys Arg Asn Glu Glu

65 70 75 80

Lys Val Tyr Ser Val Leu Asp Phe Trp Tyr Asp Cys Val Gln Tyr Gly

85 90 95

Ala Val Phe Ser Tyr Thr Ala Pro Gly Leu Leu Lys Asn Val Ala Glu

100 105 110

Val Arg Gly Gly Ser Tyr Glu Leu Thr Lys Thr Leu Lys Gly Ser His

115 120 125

Leu Tyr Asp Glu Leu Gln Ile Asp Lys Val Ile Lys Phe Leu Asn Lys

130 135 140

Lys Glu Ile Ser Arg Ala Asn Gly Ser Leu Asp Lys Leu Lys Lys Asp

145 150 155 160

Ile Ile Asp Cys Phe Lys Ala Glu Tyr Arg Glu Arg His Lys Asp Gln

165 170 175

Cys Asn Lys Leu Ala Asp Asp Ile Lys Asn Ala Lys Lys Asp Ala Gly

180 185 190

Ala Ser Leu Gly Glu Arg Gln Lys Lys Leu Phe Arg Asp Phe Phe Gly

195 200 205

Ile Ser Glu Gln Ser Glu Asn Asp Lys Pro Ser Phe Thr Asn Pro Leu

210 215 220

Asn Leu Thr Cys Cys Leu Leu Pro Phe Asp Thr Val Asn Asn Asn Arg

225 230 235 240
 Asn Arg Gly Glu Val Leu Phe Asn Lys Leu Lys Glu Tyr Ala Gln Lys
 245 250 255

 Leu Asp Lys Asn Glu Gly Ser Leu Glu Met Trp Glu Tyr Ile Gly Ile
 260 265 270
 Gly Asn Ser Gly Thr Ala Phe Ser Asn Phe Leu Gly Glu Gly Phe Leu
 275 280 285
 Gly Arg Leu Arg Glu Asn Lys Ile Thr Glu Leu Lys Lys Ala Met Met
 290 295 300
 Asp Ile Thr Asp Ala Trp Arg Gly Gln Glu Gln Glu Glu Glu Leu Glu
 305 310 315 320

 Lys Arg Leu Arg Ile Leu Ala Ala Leu Thr Ile Lys Leu Arg Glu Pro
 325 330 335
 Lys Phe Asp Asn His Trp Gly Gly Tyr Arg Ser Asp Ile Asn Gly Lys
 340 345 350
 Leu Ser Ser Trp Leu Gln Asn Tyr Ile Asn Gln Thr Val Lys Ile Lys
 355 360 365
 Glu Asp Leu Lys Gly His Lys Lys Asp Leu Lys Lys Ala Lys Glu Met
 370 375 380

 Ile Asn Arg Phe Gly Glu Ser Asp Thr Lys Glu Glu Ala Val Val Ser
 385 390 395 400
 Ser Leu Leu Glu Ser Ile Glu Lys Ile Val Pro Asp Asp Ser Ala Asp
 405 410 415
 Asp Glu Lys Pro Asp Ile Pro Ala Ile Ala Ile Tyr Arg Arg Phe Leu
 420 425 430
 Ser Asp Gly Arg Leu Thr Leu Asn Arg Phe Val Gln Arg Glu Asp Val
 435 440 445

 Gln Glu Ala Leu Ile Lys Glu Arg Leu Glu Ala Glu Lys Lys Lys Lys
 450 455 460
 Pro Lys Lys Arg Lys Lys Lys Ser Asp Ala Glu Asp Glu Lys Glu Thr
 465 470 475 480

Ile Asp Phe Lys Glu Leu Phe Pro His Leu Ala Lys Pro Leu Lys Leu
485 490 495

Val Pro Asn Phe Tyr Gly Asp Ser Lys Arg Glu Leu Tyr Lys Lys Tyr
500 505 510

Lys Asn Ala Ala Ile Tyr Thr Asp Ala Leu Trp Lys Ala Val Glu Lys
515 520 525

Ile Tyr Lys Ser Ala Phe Ser Ser Ser Leu Lys Asn Ser Phe Phe Asp
530 535 540

Thr Asp Phe Asp Lys Asp Phe Phe Ile Lys Arg Leu Gln Lys Ile Phe
545 550 555 560

Ser Val Tyr Arg Arg Phe Asn Thr Asp Lys Trp Lys Pro Ile Val Lys
565 570 575

Asn Ser Phe Ala Pro Tyr Cys Asp Ile Val Ser Leu Ala Glu Asn Glu
580 585 590

Val Leu Tyr Lys Pro Lys Gln Ser Arg Ser Arg Lys Ser Ala Ala Ile
595 600 605

Asp Lys Asn Arg Val Arg Leu Pro Ser Thr Glu Asn Ile Ala Lys Ala
610 615 620

Gly Ile Ala Leu Ala Arg Glu Leu Ser Val Ala Gly Phe Asp Trp Lys
625 630 635 640

Asp Leu Leu Lys Lys Glu Glu His Glu Glu Tyr Ile Asp Leu Ile Glu
645 650 655

Leu His Lys Thr Ala Leu Ala Leu Leu Leu Ala Val Thr Glu Thr Gln
660 665 670

Leu Asp Ile Ser Ala Leu Asp Phe Val Glu Asn Gly Thr Val Lys Asp
675 680 685

Phe Met Lys Thr Arg Asp Gly Asn Leu Val Leu Glu Gly Arg Phe Leu
690 695 700

Glu Met Phe Ser Gln Ser Ile Val Phe Ser Glu Leu Arg Gly Leu Ala
705 710 715 720

Gly Leu Met Ser Arg Lys Glu Phe Ile Thr Arg Ser Ala Ile Gln Thr

725	730	735	
Met Asn Gly Lys Gln Ala Glu Leu Leu Tyr Ile Pro His Glu Phe Gln			
740	745	750	
Ser Ala Lys Ile Thr Thr Pro Lys Glu Met Ser Arg Ala Phe Leu Asp			
755	760	765	
Leu Ala Pro Ala Glu Phe Ala Thr Ser Leu Glu Pro Glu Ser Leu Ser			
770	775	780	
Glu Lys Ser Leu Leu Lys Leu Lys Gln Met Arg Tyr Tyr Pro His Tyr			
785	790	795	800
Phe Gly Tyr Glu Leu Thr Arg Thr Gly Gln Gly Ile Asp Gly Gly Val			
805	810	815	
Ala Glu Asn Ala Leu Arg Leu Glu Lys Ser Pro Val Lys Lys Arg Glu			
820	825	830	
Ile Lys Cys Lys Gln Tyr Lys Thr Leu Gly Arg Gly Gln Asn Lys Ile			
835	840	845	
Val Leu Tyr Val Arg Ser Ser Tyr Tyr Gln Thr Gln Phe Leu Glu Trp			
850	855	860	
Phe Leu His Arg Pro Lys Asn Val Gln Thr Asp Val Ala Val Ser Gly			
865	870	875	880
Ser Phe Leu Ile Asp Glu Lys Lys Val Lys Thr Arg Trp Asn Tyr Asp			
885	890	895	
Ala Leu Thr Val Ala Leu Glu Pro Val Ser Gly Ser Glu Arg Val Phe			
900	905	910	
Val Ser Gln Pro Phe Thr Ile Phe Pro Glu Lys Ser Ala Glu Glu Glu			
915	920	925	
Gly Gln Arg Tyr Leu Gly Ile Asp Ile Gly Glu Tyr Gly Ile Ala Tyr			
930	935	940	
Thr Ala Leu Glu Ile Thr Gly Asp Ser Ala Lys Ile Leu Asp Gln Asn			
945	950	955	960
Phe Ile Ser Asp Pro Gln Leu Lys Thr Leu Arg Glu Glu Val Lys Gly			
965	970	975	

Leu Lys Leu Asp Gln Arg Arg Gly Thr Phe Ala Met Pro Ser Thr Lys
 980 985 990
 Ile Ala Arg Ile Arg Glu Ser Leu Val His Ser Leu Arg Asn Arg Ile
 995 1000 1005
 His His Leu Ala Leu Lys His Lys Ala Lys Ile Val Tyr Glu Leu
 1010 1015 1020

 Glu Val Ser Arg Phe Glu Glu Gly Lys Gln Lys Ile Lys Lys Val
 1025 1030 1035
 Tyr Ala Thr Leu Lys Lys Ala Asp Val Tyr Ser Glu Ile Asp Ala
 1040 1045 1050
 Asp Lys Asn Leu Gln Thr Thr Val Trp Gly Lys Leu Ala Val Ala
 1055 1060 1065
 Ser Glu Ile Ser Ala Ser Tyr Thr Ser Gln Phe Cys Gly Ala Cys
 1070 1075 1080

 Lys Lys Leu Trp Arg Ala Glu Met Gln Val Asp Glu Thr Ile Thr
 1085 1090 1095
 Thr Gln Glu Leu Ile Gly Thr Val Arg Val Ile Lys Gly Gly Thr
 1100 1105 1110
 Leu Ile Asp Ala Ile Lys Asp Phe Met Arg Pro Pro Ile Phe Asp
 1115 1120 1125
 Glu Asn Asp Thr Pro Phe Pro Lys Tyr Arg Asp Phe Cys Asp Lys
 1130 1135 1140

 His His Ile Ser Lys Lys Met Arg Gly Asn Ser Cys Leu Phe Ile
 1145 1150 1155
 Cys Pro Phe Cys Arg Ala Asn Ala Asp Ala Asp Ile Gln Ala Ser
 1160 1165 1170
 Gln Thr Ile Ala Leu Leu Arg Tyr Val Lys Glu Glu Lys Lys Val
 1175 1180 1185
 Glu Asp Tyr Phe Glu Arg Phe Arg Lys Leu Lys Asn Ile Lys Val
 1190 1195 1200

 Leu Gly Gln Met Lys Lys Ile

1205 1210

<210> 27

<211> 1372

<212> PRT

<213> Streptococcus gallolyticus

<400> 27

Met Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser

1 5 10 15

Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys

 20 25 30

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu

 35 40 45

Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg

 50 55 60

Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu

65 70 75 80

Arg Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Asn Glu Ile Ala Lys Val Asp Glu

 85 90 95

Ser Phe Phe Gln Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys

 100 105 110

Thr Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala

 115 120 125

Tyr His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala

 130 135 140

Asp Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala

145 150 155 160

His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn

 165 170 175

Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Phe Val Gly Val

 180 185 190

Tyr Asn Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp

 195 200 205

Val Ala Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu
210 215 220

Asn Leu Ile Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly
225 230 235 240

Asn Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn
245 250 255

Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr
260 265 270

Glu Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu
325 330 335

Lys Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Ser Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe
340 345 350

Lys Asp Lys Asn Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val
355 360 365

Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Ile Leu Ser Lys Ile
370 375 380

Lys Ile Asp Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp
385 390 395 400

Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln
405 410 415

Ile His Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr
420 425 430

Tyr Pro Phe Leu Lys Glu Lys Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr
435 440 445

Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Val Arg Lys Asp Ser Arg

450 455 460
 Phe Ala Trp Ala Glu Tyr Arg Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn
 465 470 475 480
 Phe Asp Lys Val Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr
 485 490 495

 Arg Met Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro
 500 505 510
 Lys His Ser His Val Tyr Glu Thr Tyr Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr
 515 520 525
 Lys Ile Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Glu Ser Phe Phe Asp Ser
 530 535 540
 Asn Met Lys Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys
 545 550 555 560

 Val Thr Lys Glu Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Pro Glu
 565 570 575
 Tyr Arg Ile Lys Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe
 580 585 590
 Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys
 595 600 605
 Ala Phe Leu Asp Asp Lys Val Asn Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Ile
 610 615 620

 Lys Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Lys Asp Met Ile His Glu Arg Leu
 625 630 635 640
 Gln Lys Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Ala Asn Gln Leu Lys Lys Leu Glu
 645 650 655
 Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn
 660 665 670
 Gly Ile Arg Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile
 675 680 685

 Asp Asp Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp
 690 695 700

Thr Leu Pro Phe Lys Gln Ile Ile Gln Lys Ser Gln Val Val Gly Asp
 705 710 715 720
 Val Asp Asp Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala
 725 730 735
 Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
 740 745 750

 Lys Val Met Gly Gly Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Ser Gln Ser Gln Gln Arg Leu
 770 775 780
 Lys Lys Leu Gln Asn Ser Leu Lys Glu Leu Gly Ser Asn Ile Leu Asn
 785 790 795 800
 Glu Glu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Asp Lys Val Glu Asn Ser His Leu
 805 810 815

 Gln Asn Asp Gln Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp Met
 820 825 830
 Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu Ser Asp Tyr Asp Ile
 835 840 845
 Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn
 850 855 860
 Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val
 865 870 875 880

 Pro Ser Leu Asp Ile Val Arg Ala Arg Lys Ala Glu Trp Val Arg Leu
 885 890 895
 Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys
 900 905 910
 Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys
 915 920 925
 Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile
 930 935 940

 Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu His Asp Glu Asn Asp Lys Val Ile

945 950 955 960
 Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln Phe
 965 970 975
 Arg Lys Asp Phe Glu Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr His
 980 985 990
 His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Leu
 995 1000 1005

Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr
 1010 1015 1020
 Lys Lys Tyr Asp Ile Arg Lys Phe Ile Thr Asn Ser Ser Asp Lys
 1025 1030 1035
 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe
 1040 1045 1050
 Lys Thr Lys Val Lys Tyr Ala Asp Gly Thr Val Phe Glu Arg Pro
 1055 1060 1065

Ile Ile Glu Thr Asn Ala Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Gln
 1070 1075 1080
 Ile Asp Phe Glu Lys Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val
 1085 1090 1095
 Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Thr Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys
 1100 1105 1110
 Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg
 1115 1120 1125

Lys Thr Lys Lys Val Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr Gly Gly Phe
 1130 1135 1140
 Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Phe Val Val Ala Asp Val
 1145 1150 1155
 Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Leu Val
 1160 1165 1170
 Gly Ile Ser Ile Met Glu Arg Ser Phe Phe Glu Glu Asn Pro Val
 1175 1180 1185

Glu Phe Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His Asn Ile Arg Glu Asp Lys
 1190 1195 1200
 Leu Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Gly Gly
 1205 1210 1215
 Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn
 1220 1225 1230
 Glu Met Val Leu Pro Gly Tyr Leu Val Glu Leu Leu Tyr His Ala
 1235 1240 1245

His Arg Ala Asp Asn Phe Asn Ser Thr Glu Tyr Leu Asn Tyr Val
 1250 1255 1260
 Ser Glu His Lys Lys Glu Phe Glu Lys Val Leu Ser Cys Val Glu
 1265 1270 1275
 Asp Phe Ala Asn Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Leu Ser Lys
 1280 1285 1290
 Ile Arg Ala Val Ala Asp Ser Met Asp Asn Phe Ser Ile Glu Glu
 1295 1300 1305

Ile Ser Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu Gly
 1310 1315 1320
 Ala Pro Ala Asp Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg Lys
 1325 1330 1335
 Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His
 1340 1345 1350
 Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys
 1355 1360 1365

Leu Gly Glu Glu
 1370

<210> 28

<211> 1370

<212> PRT

<213> Streptococcus mitis

<400> 28

Met Lys Lys Gly Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Phe Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met			
	20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Arg Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
	35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Ala Arg Arg Leu			
	50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser			
	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Glu Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Thr Glu Glu Lys Glu Tyr			
	115	120	125
His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp			
	130	135	140
Ser Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ala Phe Asp Ile			
	165	170	175
Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr			
	180	185	190
Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val			
	195	200	205
Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg			
	210	215	220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
	245	250	255

Asp Leu Glu Asp Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Thr Asp
 275 280 285
 Leu Phe Val Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300

 Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Asn Asp Leu Ala Ala Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365

 Gln Glu Thr Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380
 Gly Thr Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Lys Asp Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Glu Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495

 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500	505	510	
Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys			
515	520	525	
Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln			
530	535	540	
Lys Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr			
545	550	555	560
Glu Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly			
565	570	575	
Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp			
595	600	605	
Ala Lys Asn Glu Ala Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Cys Asp Lys			
660	665	670	
Gln Thr Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Lys Ile			
675	680	685	
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys			
690	695	700	
Glu Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Ile Gly Lys Thr Asp Asp Val Lys			
705	710	715	720
Gln Val Val Gln Glu Leu Ser Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile			
725	730	735	
Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His			
740	745	750	

Ala Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

755 760 765

Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp

770 775 780

Ser Leu Lys Ile Leu Ala Ser Gly Leu Asp Ser Asn Ile Leu Lys Glu

785 790 795 800

Asn Pro Thr Asp Asn Asn Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr

805 810 815

Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile

820 825 830

Asn Gln Leu Ser Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe

835 840 845

Ile Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp

850 855 860

Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Gln Lys

865 870 875 880

Arg Lys Ala Phe Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu

885 890 895

Arg Lys Phe Asn Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu

900 905 910

Arg Asp Lys Val Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln

915 920 925

Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Tyr Asn Thr Glu

930 935 940

Val Asn Glu Lys Asp Lys Lys Asn Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu

945 950 955 960

Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys

965 970 975

Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn

980 985 990

Ala Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro

995	1000	1005
Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr	Gln Lys Tyr Asp Leu	Lys Arg Tyr
1010	1015	1020
Ile Ser Arg Ser Lys Asp Pro	Lys Glu Val Glu Lys	Ala Thr Glu
1025	1030	1035
Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn	Leu Leu Asn Phe Phe	Lys Glu Glu
1040	1045	1050
Val His Tyr Ala Asp Gly Thr	Ile Val Lys Arg Glu	Asn Ile Glu
1055	1060	1065
Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu	Ile Ala Trp Asn Lys	Glu Lys Asp
1070	1075	1080
Phe Ala Ile Ile Lys Lys Val	Leu Ser Leu Pro Gln	Val Asn Ile
1085	1090	1095
Val Lys Lys Arg Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1100	1105	1110
Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Pro	Arg Lys Thr
1115	1120	1125
Lys Asp Ile Leu Leu Asp Thr	Thr Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1130	1135	1140
Pro Val Ile Ala Tyr Ser Ile	Leu Leu Ile Ala Asp	Ile Glu Lys
1145	1150	1155
Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys Thr Leu	Val Gly Ile
1160	1165	1170
Thr Ile Met Glu Lys Ala Ala	Phe Glu Glu Asn Pro	Ile Thr Phe
1175	1180	1185
Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His	Asn Val Arg Lys Glu	Asn Ile Leu
1190	1195	1200
Cys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Arg
1205	1210	1215
Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys	Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Ile
1220	1225	1230

Val Leu Pro Val Tyr Leu Thr Thr Leu Leu Tyr His Ser Lys Asn
1235 1240 1245

Val His Lys Leu Asp Glu Pro Gly His Leu Glu Tyr Ile Gln Lys
1250 1255 1260

His Arg Asn Glu Phe Lys Asp Leu Leu Asn Leu Val Ser Glu Phe
1265 1270 1275

Ser Gln Lys Tyr Val Leu Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Lys
1280 1285 1290

Ser Leu Tyr Ala Asp Asn Glu Gln Ala Asp Ile Glu Ile Leu Ala
1295 1300 1305

Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala Leu Gly Ala Pro
1310 1315 1320

Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Ile Asp Arg Lys Arg Tyr
1325 1330 1335

Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
1340 1345 1350

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Trp Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly
1355 1360 1365

Glu Asp

1370

<210> 29

<211> 1056

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 29

Gly Ser His Met Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Asp Ile Gly Ile

1 5 10 15

Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val Ile

20 25 30

Asp Ala Gly Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn Glu

35 40 45

Gly Arg Arg Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg Arg

50

55

60

His Arg Ile Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu Leu

65

70

75

80

Thr Asp His Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg Val

85

90

95

Lys Gly Leu Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala Leu

100

105

110

Leu His Leu Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val Glu

115

120

125

Glu Asp Thr Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg Asn

130

135

140

Ser Lys Ala Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu Arg

145

150

155

160

Leu Lys Lys Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys Thr

165

170

175

Ser Asp Tyr Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys Ala

180

185

190

Tyr His Gln Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu Leu

195

200

205

Glu Thr Arg Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro Phe

210

215

220

Gly Trp Lys Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His Cys

225

230

235

240

Thr Tyr Phe Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn Ala

245

250

255

Asp Leu Tyr Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr Arg

260

265

270

Asp Glu Asn Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile Glu

275

280

285

Asn Val Phe Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala Lys

290 295 300
 Glu Ile Leu Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr Ser

 305 310 315 320
 Thr Gly Lys Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile Lys
 325 330 335
 Asp Ile Thr Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu Asp
 340 345 350
 Gln Ile Ala Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile Gln
 355 360 365
 Glu Glu Leu Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile Glu

 370 375 380
 Gln Ile Ser Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser Leu
 385 390 395 400
 Lys Ala Ile Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp Asn
 405 410 415
 Gln Ile Ala Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val Asp
 420 425 430
 Leu Ser Gln Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe Ile

 435 440 445
 Leu Ser Pro Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val Ile
 450 455 460
 Asn Ala Ile Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile Glu
 465 470 475 480
 Leu Ala Arg Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn Glu
 485 490 495
 Met Gln Lys Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile Ile

 500 505 510
 Arg Thr Thr Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile Lys
 515 520 525
 Leu His Asp Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala Ile
 530 535 540

Pro Leu Glu Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp His
545 550 555 560
Ile Ile Pro Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys Val
565 570 575
Leu Val Lys Gln Glu Glu Asn Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro Phe
580 585 590
Gln Tyr Leu Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe Lys
595 600 605
Lys His Ile Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys Thr
610 615 620
Lys Lys Glu Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser Val
625 630 635 640
Gln Lys Asp Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala Thr
645 650 655
Arg Gly Leu Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn Leu
660 665 670
Asp Val Lys Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu Arg
675 680 685
Arg Lys Trp Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His His
690 695 700
Ala Glu Asp Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys Glu
705 710 715 720
Trp Lys Lys Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met Phe
725 730 735
Glu Glu Lys Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln Glu
740 745 750
Tyr Lys Glu Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys Asp
755 760 765
Phe Lys Asp Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro Asn Arg
770 775 780
Glu Leu Ile Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp Asp Lys Gly

785 790 795 800
 Asn Thr Leu Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr Asp Lys Asp Asn
 805 810 815
 Asp Lys Leu Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro Glu Lys Leu Leu Met

 820 825 830
 Tyr His His Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys Leu Lys Leu Ile Met Glu
 835 840 845
 Gln Tyr Gly Asp Glu Lys Asn Pro Leu Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr
 850 855 860
 Gly Asn Tyr Leu Thr Lys Tyr Ser Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile
 865 870 875 880
 Lys Lys Ile Lys Tyr Tyr Gly Asn Lys Leu Asn Ala His Leu Asp Ile

 885 890 895
 Thr Asp Asp Tyr Pro Asn Ser Arg Asn Lys Val Val Lys Leu Ser Leu
 900 905 910
 Lys Pro Tyr Arg Phe Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly Val Tyr Lys Phe
 915 920 925
 Val Thr Val Lys Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys Glu Asn Tyr Tyr Glu
 930 935 940
 Val Asn Ser Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Leu Lys Lys Ile Ser

 945 950 955 960
 Asn Gln Ala Glu Phe Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Asn Asp Leu Ile Lys
 965 970 975
 Ile Asn Gly Glu Leu Tyr Arg Val Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu
 980 985 990
 Asn Arg Ile Glu Val Asn Met Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr Leu
 995 1000 1005
 Glu Asn Met Asn Asp Lys Arg Pro Pro Arg Ile Ile Lys Thr Ile

 1010 1015 1020
 Ala Ser Lys Thr Gln Ser Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile Leu
 1025 1030 1035

Gly Asn Leu Tyr Glu Val Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile Ile

1040 1045 1050

Lys Lys Gly

1055

<210> 30

<211> 1044

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 30

Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu

1 5 10 15

Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys

20 25 30

Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp

35 40 45

Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu

50 55 60

Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu

65 70 75 80

Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His

85 90 95

Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp

100 105 110

Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu

115 120 125

Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser

130 135 140

Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp

145 150 155 160

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile

165 170 175

Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu

180	185	190	
Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu			
195	200	205	
Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu			
210	215	220	
Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn			
225	230	235	240
Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile			
245	250	255	
Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn			
260	265	270	
Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys			
275	280	285	
Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val			
290	295	300	
Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu			
305	310	315	320
Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys			
325	330	335	
Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn			
340	345	350	
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys			
355	360	365	
Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser			
370	375	380	
Leu Thr Phe Lys Glu Asp Leu Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly			
385	390	395	400
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile			
405	410	415	
Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys			
420	425	430	

Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
435 440 445

Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met
450 455 460

Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys
465 470 475 480

Glu Tyr Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu
485 490 495

Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp
500 505 510

Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser
515 520 525

Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp
530 535 540

Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys
545 550 555 560

Lys Met Lys Asn Tyr Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr
565 570 575

Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser
580 585 590

Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
595 600 605

Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr
610 615 620

Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr
625 630 635 640

Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr
645 650 655

Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu
660 665 670

Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu

675	680	685	
Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Ile Ser Glu Gln			
690	695	700	
Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met			
705	710	715	720
Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys			
725	730	735	
Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
740	745	750	
Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln			
755	760	765	
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys			
770	775	780	
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys			
785	790	795	800
Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val			
805	810	815	
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys			
820	825	830	
Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Val Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg			
835	840	845	
Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Val Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr			
850	855	860	
Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu			
865	870	875	880
Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu			
885	890	895	
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu			
900	905	910	
Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn			
915	920	925	

Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu

930 935 940

Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp

945 950 955 960

Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys

965 970 975

Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr

980 985 990

Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Cys Phe Asp Thr Thr Ile Gly

995 1000 1005

Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1010 1015 1020

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1025 1030 1035

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1040

<210> 31

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 31

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620

 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685

 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750

 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815

 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp

835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala

900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025 1030 1035

Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040 1045 1050

Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys

1055 1060 1065

Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln

1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355

<210> 32

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 32

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Leu
 20 25 30
 Lys Gly Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Gly Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190

 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255

 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Thr Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu		
785	790	795
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp		
835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Val
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020

 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080

 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys

1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln		
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu		
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile		
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn		
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp		
1310	1315	1320
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu		
1325	1330	1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu		
1340	1345	1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		

<210> 33

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 33

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Leu Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700

Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
705 710 715 720

His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
740 745 750

Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asn Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
	965	970	975
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
	980	985	990
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr			
	995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys			
	1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro			
	1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys			
	1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln			
	1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser			
	1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala			
	1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser			
	1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys			
	1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile			
	1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe			
	1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Val			
	1175	1180	1185

Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys

1190 1195 1200

Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala

1205 1210 1215

Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr

1220 1225 1230

Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu

1235 1240 1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1250 1255 1260

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

1265 1270 1275

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1280 1285 1290

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Phe

1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 34

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 34

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys		
65	70	75
80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys		
100	105	110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr		
115	120	125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp		
130	135	140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His		
145	150	155
160		
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro		
165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr		
180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys		
195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu		
210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu		
225	230	235
240		
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp		
245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp		
260	265	270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300

Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515	520	525	
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val			
545	550	555	560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser			
565	570	575	
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn			
595	600	605	
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys			
660	665	670	
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn			
675	680	685	
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu			
690	695	700	
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu			
705	710	715	720
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu			
725	730	735	
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His			
740	745	750	
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
 1250 1255 1260
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1265 1270 1275
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1280 1285 1290

 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 35
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400> 35
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Ile Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Leu Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620

 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Val Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685

 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750

 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815

 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp

835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala

900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025 1030 1035

Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040 1045 1050

Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys

1055 1060 1065

Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln

1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Arg Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305

Leu Gly Ala Pro Thr Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Phe
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355

<210> 36

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 36

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Ile Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
	165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
	180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys			
	195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
	210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
	245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
	355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
	370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Leu Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
720		
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu		
785	790	795
800		
Thr Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp		
835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
880		
Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Ile Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020

 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080

 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys

1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Val Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Val Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln		
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu		
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile		
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn		
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Cys Phe Asp Thr Thr Ile Gly		
1310	1315	1320
Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu		
1325	1330	1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu		
1340	1345	1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		

<210> 37

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 37

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Gly Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Ala
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Gly Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700

Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
705 710 715 720

Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
740 745 750

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln
755 760 765

Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
770 775 780

Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
785 790 795 800

Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815

Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
820 825 830

Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
835 840 845

Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser
850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
865 870 875 880

Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
900 905 910

Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
915 920 925

Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp
930 935 940

Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val

945	950	955	960
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn			
	965	970	975
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr			
	980	985	990
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly			
	995	1000	1005
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala			
	1010	1015	1020
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys			
	1025	1030	1035
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu			
	1040	1045	1050
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly			
	1055	1060	1065
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val			
	1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys			
	1085	1090	1095
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg			
	1100	1105	1110
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro			
	1115	1120	1125
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly			
	1130	1135	1140
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr			
	1145	1150	1155
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu			
	1160	1165	1170
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys			
	1175	1180	1185

Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg

1190 1195 1200

Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu

1205 1210 1215

Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu

1220 1225 1230

Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe

1235 1240 1245

Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile

1250 1255 1260

Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp

1265 1270 1275

Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg

1280 1285 1290

Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu

1295 1300 1305

Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg

1310 1315 1320

Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile

1325 1330 1335

His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser

1340 1345 1350

Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 38

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 38

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys		
65	70	75
80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys		
100	105	110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr		
115	120	125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp		
130	135	140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His		
145	150	155
160		
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro		
165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr		
180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys		
195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu		
210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu		
225	230	235
240		
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp		
245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp		
260	265	270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300

Leu Arg Leu Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515	520	525	
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val			
545	550	555	560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser			
565	570	575	
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn			
595	600	605	
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys			
660	665	670	
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn			
675	680	685	
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu			
690	695	700	
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu			
705	710	715	720
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu			
725	730	735	
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His			
740	745	750	
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Leu		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
 1250 1255 1260
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1265 1270 1275
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1280 1285 1290

 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 39
 <211> 1358
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400> 39

 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Leu
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Gly Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Thr Ser Leu Gly Thr

580	585	590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn		
595	600	605
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu		
610	615	620
Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn		
625	630	635
640		
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr		
645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu		
705	710	715
720		
Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys		
740	745	750
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln		
755	760	765
Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly		
770	775	780
Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn		
785	790	795
800		
Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly		
805	810	815
Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp		
820	825	830

Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser

835 840 845

Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser

850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp

865 870 875 880

Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn

885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly

900 905 910

Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

915 920 925

Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp

930 935 940

Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val

945 950 955 960

Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn

965 970 975

Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr

980 985 990

Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly

995 1000 1005

Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala

1010 1015 1020

Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys

1025 1030 1035

Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu

1040 1045 1050

Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly

1055 1060 1065

Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val

1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1085	1090	1095
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1100	1105	1110
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1115	1120	1125
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1130	1135	1140
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1145	1150	1155
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1160	1165	1170
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Arg Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1175	1180	1185
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1190	1195	1200
Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu
1205	1210	1215
Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu
1220	1225	1230
Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu	Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe
1235	1240	1245
Val Glu Gln His Lys His Tyr	Leu Asp Glu Ile Ile	Glu Gln Ile
1250	1255	1260
Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val	Ile Leu Ala Asp Ala	Asn Leu Asp
1265	1270	1275
Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn	Lys His Arg Asp Lys	Pro Ile Arg
1280	1285	1290
Glu Gln Ala Lys Asn Ile Ile	His Leu Phe Thr Leu	Thr Asn Leu
1295	1300	1305

Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Glu Arg
1310 1315 1320

Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile
1325 1330 1335

His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser
1340 1345 1350

Gln Leu Gly Gly Asp
1355

<210> 40

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400>

> 40

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Leu
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Gly Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
	165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
	180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys			
	195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
	210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
	245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300
Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
	355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
	370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Thr Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr

645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu		
705	710	715
Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys		
740	745	750
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln		
755	760	765
Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly		
770	775	780
Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn		
785	790	795
Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly		
805	810	815
Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp		
820	825	830
Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser		
835	840	845
Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
850	855	860
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp		
865	870	875
Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn		
885	890	895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp
 930 935 940
 Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val
 945 950 955 960

 Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala
 1010 1015 1020

 Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
 1025 1030 1035
 Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu
 1040 1045 1050
 Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly
 1055 1060 1065
 Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val
 1070 1075 1080

 Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys
 1085 1090 1095
 Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg
 1100 1105 1110
 Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro
 1115 1120 1125
 Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly

1130	1135	1140
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1145	1150	1155
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1160	1165	1170
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile Lys		
1175	1180	1185
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg		
1190	1195	1200
Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu		
1205	1210	1215
Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu		
1220	1225	1230
Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe		
1235	1240	1245
Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile		
1250	1255	1260
Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp		
1265	1270	1275
Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg		
1280	1285	1290
Glu Gln Ala Lys Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu		
1295	1300	1305
Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Glu Arg		
1310	1315	1320
Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile		
1325	1330	1335
His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ile Arg Ile Asp Leu Ser		
1340	1345	1350
Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		

<210> 41

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 41

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Ser Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700

Asp Leu Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
705 710 715 720

His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
740 745 750

Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
	965	970	975
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
	980	985	990
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr			
	995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys			
	1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro			
	1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys			
	1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln			
	1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser			
	1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala			
	1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser			
	1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys			
	1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile			
	1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe			
	1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile			
	1175	1180	1185

Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys

1190 1195 1200

Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala

1205 1210 1215

Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr

1220 1225 1230

Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu

1235 1240 1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1250 1255 1260

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

1265 1270 1275

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1280 1285 1290

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Gly

1310 1315 1320

Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 42

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 42

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Gly Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys		
65	70	75
80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys		
100	105	110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr		
115	120	125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp		
130	135	140
Ser Thr Asp Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His		
145	150	155
160		
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro		
165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr		
180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys		
195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu		
210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu		
225	230	235
240		
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp		
245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp		
260	265	270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Thr Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515	520	525	
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val			
545	550	555	560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser			
565	570	575	
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn			
595	600	605	
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys			
660	665	670	
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn			
675	680	685	
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu			
690	695	700	
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu			
705	710	715	720
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu			
725	730	735	
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His			
740	745	750	
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
835 840 845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
945 950 955 960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
 1250 1255 1260
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1265 1270 1275
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1280 1285 1290

 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 43
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400> 43
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580	585	590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn		
595	600	605
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu		
610	615	620
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His		
625	630	635
640		
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr		
645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
720		
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu		
785	790	795
800		
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp

835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

865 870 875 880

Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala

900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025 1030 1035

Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040 1045 1050

Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys

1055 1060 1065

Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln

1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Arg Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305

Phe Gly Ala Pro Ala Ala Phe Ile Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Gly

1310 1315 1320

Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 44

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 44

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Ile Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190

 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255

 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Leu Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu		
785	790	795
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp		
835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Ile Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020

 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080

 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys

1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Val Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Val Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln		
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu		
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile		
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn		
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Gly		
1310	1315	1320
Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu		
1325	1330	1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu		
1340	1345	1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		

<210> 45

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 45

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Ile Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gly Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700

Asp Leu Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
705 710 715 720

His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
740 745 750

Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
	965	970	975
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
	980	985	990
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr			
	995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Ile Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys			
	1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro			
	1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys			
	1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln			
	1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser			
	1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala			
	1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser			
	1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys			
	1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Val Gly Ile			
	1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Val Asp Phe			
	1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile			
	1175	1180	1185

Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys
1190 1195 1200

Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala
1205 1210 1215

Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr
1220 1225 1230

Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
1235 1240 1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
1250 1255 1260

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
1265 1270 1275

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
1280 1285 1290

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Gly
1310 1315 1320

Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355

<210> 46

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 46

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys		
65	70	75
80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys		
100	105	110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr		
115	120	125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp		
130	135	140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His		
145	150	155
160		
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro		
165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr		
180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Asn Gly Val Asp Ala Lys		
195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu		
210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu		
225	230	235
240		
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp		
245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp		
260	265	270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300

Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515	520	525	
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val			
545	550	555	560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser			
565	570	575	
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn			
595	600	605	
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys			
660	665	670	
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn			
675	680	685	
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu			
690	695	700	
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu			
705	710	715	720
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu			
725	730	735	
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His			
740	745	750	
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
 1250 1255 1260
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1265 1270 1275
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1280 1285 1290

 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 47
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400> 47

 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240

Ile Ala Leu Leu Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620

 Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685

 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750

 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815

 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp

835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

865 870 875 880

Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala

900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025 1030 1035

Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040 1045 1050

Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys

1055 1060 1065

Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln

1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Arg Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355

<210> 48

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 48

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Ile Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
	165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
	180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys			
	195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
	210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
	245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300
Leu Arg Leu Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
	355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
	370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Lys Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu		
785	790	795
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp		
835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020

 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080

 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys

1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln		
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu		
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile		
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn		
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Thr Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp		
1310	1315	1320
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Phe		
1325	1330	1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu		
1340	1345	1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		

<210> 49

<211> 1184

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 49

Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr

1 5 10 15

Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala

20 25 30

Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

35 40 45

Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn

50 55 60

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe

65 70 75 80

Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp

85 90 95

Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp

100 105 110

Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp

115 120 125

Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys

145 150 155 160

Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe

165 170 175

Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser

180 185 190

Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp

195 200 205

Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg
 210 215 220
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 225 230 235 240
 Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe
 245 250 255
 Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 260 265 270

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 275 280 285
 Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 290 295 300
 Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr
 305 310 315 320
 Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 325 330 335

 Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 340 345 350
 Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln
 355 360 365
 Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr
 370 375 380
 Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp
 385 390 395 400

 Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly
 405 410 415
 Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp
 420 425 430
 Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
 435 440 445
 Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala

450 455 460
 His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr
 465 470 475 480
 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 485 490 495
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala
 500 505 510
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys
 515 520 525

 Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His
 530 535 540
 Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 545 550 555 560
 Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg
 565 570 575
 His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr
 580 585 590

 Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu
 595 600 605
 Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val
 610 615 620
 Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln
 625 630 635 640
 Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu
 645 650 655

 Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp
 660 665 670
 Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly
 675 680 685
 Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn
 690 695 700

Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe
705 710 715 720

Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys
725 730 735

Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
740 745 750

His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu
755 760 765

Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys
770 775 780

Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu
785 790 795 800

Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val
805 810 815

Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val
820 825 830

Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
835 840 845

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
850 855 860

Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile
865 870 875 880

Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp
885 890 895

Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val
900 905 910

Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu
915 920 925

Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp
930 935 940

Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val

945	950	955	960
Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser			
	965	970	975
Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu			
	980	985	990
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys			
	995	1000	1005
Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu			
	1010	1015	1020
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys			
	1025	1030	1035
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr			
	1040	1045	1050
Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn			
	1055	1060	1065
Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp			
	1070	1075	1080
Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu			
	1085	1090	1095
Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His			
	1100	1105	1110
Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu			
	1115	1120	1125
Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe			
	1130	1135	1140
Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val			
	1145	1150	1155
Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu			
	1160	1165	1170
Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp			
	1175	1180	

<210> 50

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 50

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210	215	220	
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
	245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Thr Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300
Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
	355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
	370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly			
	405	410	415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu			
	420	425	430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro			
	435	440	445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met			
	450	455	460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu

705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735

 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
 785 790 795 800

 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860

 Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
 865 870 875 880
 Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925

 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

Val	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Asp	Phe	Gln	Phe	Tyr	Lys	Val	Arg	Glu	Ile	
				965					970					975		
Asn	Asn	Tyr	His	His	Ala	His	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Ala	Val	Val	Gly	
				980					985					990		
Thr	Ala	Leu	Ile	Lys	Lys	Tyr	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Phe	Val	Tyr	
				995					1000					1005		
Gly	Asp	Tyr	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Ser	Glu	Gln	Glu	Ile	Gly	Lys		
				1010					1015					1020		
Ala	Thr	Ala	Lys	Tyr	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe		
				1025					1030					1035		
Lys	Thr	Glu	Ile	Thr	Leu	Ala	Asn	Gly	Glu	Ile	Arg	Lys	Arg	Pro		
				1040					1045					1050		
Leu	Ile	Glu	Thr	Asn	Gly	Glu	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	Lys		
				1055					1060					1065		
Gly	Arg	Asp	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Pro	Gln		
				1070					1075					1080		
Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Val	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser		
				1085					1090					1095		
Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys	Arg	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala		
				1100					1105					1110		
Arg	Lys	Lys	Asp	Trp	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser		
				1115					1120					1125		
Pro	Thr	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	Lys	Val	Glu	Lys		
				1130					1135					1140		
Gly	Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Leu	Gly	Ile		
				1145					1150					1155		
Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Ser	Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Ile	Asp	Phe		
				1160					1165					1170		
Leu	Glu	Ala	Lys	Gly	Tyr	Lys	Glu	Val	Arg	Lys	Asp	Leu	Ile	Ile		
				1175					1180					1185		
Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg	Lys		

1190 1195 1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala

1205 1210 1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr

1220 1225 1230

Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
1235 1240 1245

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
1250 1255 1260

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
1265 1270 1275

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
1280 1285 1290

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 51

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 51

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110

 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175

 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240

 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Thr Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300

 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365

 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Thr Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
705 710 715 720

Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
740 745 750

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln
755 760 765

Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly

770	775	780	
Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn			
785	790	795	800
Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly			
	805	810	815
Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp			
	820	825	830
Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser			
	835	840	845
Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser			
	850	855	860
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp			
865	870	875	880
Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn			
	885	890	895
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly			
	900	905	910
Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val			
	915	920	925
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp			
	930	935	940
Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val			
945	950	955	960
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn			
	965	970	975
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr			
	980	985	990
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly			
	995	1000	1005
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala			
1010	1015	1020	

Thr	Ala	Lys	Tyr	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe	Lys
1025														
Thr	Glu	Ile	Thr	Leu	Ala	Asn	Gly	Glu	Ile	Arg	Lys	Arg	Pro	Leu
1040														
Ile	Glu	Thr	Asn	Gly	Glu	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	Lys	Gly
1055														
Arg	Asp	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Pro	Gln	Val
1070														
Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Val	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys
1085														
Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys	Arg	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala	Arg
1100														
Lys	Lys	Asp	Trp	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	Pro
1115														
Thr	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	Lys	Val	Glu	Lys	Gly
1130														
Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Leu	Gly	Ile	Thr
1145														
Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Ser	Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Ile	Asp	Phe	Leu
1160														
Glu	Ala	Lys	Gly	Tyr	Lys	Glu	Val	Arg	Lys	Asp	Leu	Ile	Ile	Lys
1175														
Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg	Lys	Arg
1190														
Met	Leu	Ala	Ser	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	Leu
1205														
Pro	Ser	Lys	Tyr	Val	Asn	Phe	Leu	Tyr	Leu	Ala	Ser	His	Tyr	Glu
1220														
Lys	Leu	Lys	Gly	Ser	Pro	Glu	Asp	Asn	Glu	Gln	Lys	Gln	Leu	Phe
1235														
Val	Glu	Gln	His	Lys	His	Tyr	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Glu	Gln	Ile

1250 1255 1260
 Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp
 1265 1270 1275
 Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg
 1280 1285 1290
 Glu Gln Ala Lys Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu
 1295 1300 1305

 Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Glu Arg
 1310 1315 1320
 Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile
 1325 1330 1335
 His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser
 1340 1345 1350
 Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 52
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400>
 > 52
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60

 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190

 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255

 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln		
355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly		
370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys		
385	390	395
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly		
405	410	415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu		
420	425	430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro		
435	440	445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met		
450	455	460
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val		
465	470	475
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn		
485	490	495
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu		
500	505	510
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr		
515	520	525
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys		
530	535	540
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val		
545	550	555
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser		
565	570	575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr		
580	585	590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640

 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700

 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765

 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830

 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp

835	840	845	
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys			
850	855	860	
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr			
865	870	875	880
Trp Lys Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp			
885	890	895	
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn			
930	935	940	
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu			
945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
980	985	990	
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro			
1040	1045	1050	
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys			
1055	1060	1065	
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln			
1070	1075	1080	

Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Arg Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Gly

1310 1315 1320
 Arg Asn Arg Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 53
 <211> 1270
 <212> PRT
 <213> Streptococcus pyogenes
 <400> 53
 Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe
 1 5 10 15
 Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn
 20 25 30
 Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His
 35 40 45
 Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu
 50 55 60
 Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu
 65 70 75 80
 Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe
 85 90 95
 Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn
 100 105 110
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 115 120 125
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 130 135 140
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro

145 150 155 160
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
 165 170 175
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 180 185 190
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 195 200 205

 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 210 215 220
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
 225 230 235 240
 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 245 250 255
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 260 265 270

 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 275 280 285
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 290 295 300
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 305 310 315 320
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 325 330 335

 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 340 345 350
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 355 360 365
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 370 375 380
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 385 390 395 400

Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 405 410 415
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 420 425 430
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 435 440 445
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 450 455 460

 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 485 490 495
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 500 505 510
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 515 520 525

 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 530 535 540
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 545 550 555 560
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 565 570 575
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 580 585 590

 Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp
 595 600 605
 Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly
 610 615 620
 Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro
 625 630 635 640
 Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu

645	650	655
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met		
660	665	670
Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu		
675	680	685
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile		
690	695	700
Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu		
705	710	715
		720
Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu		
725	730	735
Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro		
740	745	750
Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg		
755	760	765
Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val		
770	775	780
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu		
785	790	795
		800
Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly		
805	810	815
Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu		
820	825	830
Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met		
835	840	845
Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val		
850	855	860
Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln		
865	870	875
		880
Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
885	890	895

Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys
 900 905 910

Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser
 915 920 925

Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn
 930 935 940

Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile
 945 950 955 960

Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val
 965 970 975

Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met
 980 985 990

Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe
 995 1000 1005

Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1010 1015 1020

Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp
 1025 1030 1035

Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu
 1040 1045 1050

Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly
 1055 1060 1065

Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp
 1070 1075 1080

Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile
 1085 1090 1095

Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg
 1100 1105 1110

Lys Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu
 1115 1120 1125

Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His

1130 1135 1140
Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln
1145 1150 1155

Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu
1160 1165 1170
Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn
1175 1180 1185
Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro
1190 1195 1200
Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr
1205 1210 1215

Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile
1220 1225 1230
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr
1235 1240 1245
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1250 1255 1260
Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1265 1270

<210> 54

<211> 536

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 54

Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Gly Tyr Asp Val Asp His Ile
1 5 10 15
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu
20 25 30
Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu
35 40 45
Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala

50	55	60	
Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg			
65	70	75	80
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Val Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu			
	85	90	95
Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser			
	100	105	110
Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val			
	115	120	125
Arg Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp			
	130	135	140
Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His			
145	150	155	160
Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr			
	165	170	175
Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp			
	180	185	190
Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr			
	195	200	205
Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly			
	210	215	220
Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu			
225	230	235	240
Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu			
	245	250	255
Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly			
	260	265	270
Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu			
	275	280	285
Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp			
	290	295	300

Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys
305 310 315 320

Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr
325 330 335

Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asp Pro Ile Asp Phe Leu Glu
340 345 350

Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Arg Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro
355 360 365

Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala
370 375 380

Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr
385 390 395 400

Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser
405 410 415

Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His
420 425 430

Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val
435 440 445

Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys
450 455 460

His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu
465 470 475 480

Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp
485 490 495

Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp
500 505 510

Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile
515 520 525

Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp
530 535

<210> 55

<211> 305

<212> PRT

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 55

Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg

1 5 10 15

Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile

20 25 30

Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile

35 40 45

Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp

50 55 60

Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser

65 70 75 80

Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys

85 90 95

Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe

100 105 110

Glu Lys Asp Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val

115 120 125

Arg Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu

130 135 140

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly

145 150 155 160

Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala

165 170 175

Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys

180 185 190

Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu

195 200 205

Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

210 215 220

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg

225 230 235 240

Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly

245 250 255

Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg

260 265 270

Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

275 280 285

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly

290 295 300

Asp

305

<210> 56

<211> 1359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 56

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Ile Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220

 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Leu Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

340	345	350	
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
355	360	365	
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
370	375	380	
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly			
405	410	415	
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu			
420	425	430	
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro			
435	440	445	
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met			
450	455	460	
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val			
465	470	475	480
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn			
485	490	495	
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu			
500	505	510	
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr			
515	520	525	
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val			
545	550	555	560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser			
565	570	575	
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr			
580	585	590	

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605

 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670

 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735

 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800

 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp

835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
880		
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala		
900	905	910
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His		
915	920	925
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
930	935	940
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu		
945	950	955
960		
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile		
965	970	975
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly		
980	985	990
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr		
995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080

Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Arg Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Thr Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp

1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Phe
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

 Ser Gln Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 57
 <211> 1341
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 57
 Met Asp Gln Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Asp Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Ala Ala Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Asp Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ile Ser Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala
 165 170 175

 Glu Asn Thr Asn Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Val Tyr
 180 185 190
 Asp Lys Thr Val Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Met Thr Val Asp Ala
 195 200 205
 Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Leu Ile Ala His Tyr Pro Ala Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240

 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Gly Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300

 Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys
 355 360 365

 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Gln Ile Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495

 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560

 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ser Ser
 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asp Lys Ala Asn Glu Lys Thr Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620

 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645	650	655
Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg		
660	665	670
Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly		
675	680	685
Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser		
690	695	700
Phe Lys Glu Glu Ile Ala Arg Ala Gln Ile Ile Gly Asp Val Asp Asp		
705	710	715
Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys		
725	730	735
Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met		
740	745	750
Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln		
755	760	765
Met Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu		
770	775	780
Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln		
785	790	795
Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp		
805	810	815
Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp		
820	825	830
Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp		
835	840	845
Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp		
850	855	860
Val Pro Ser Ile Glu Val Val His Glu Met Lys Ser Phe Trp Ser Lys		
865	870	875
Leu Leu Ser Val Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
885	890	895

Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile
 900 905 910
 Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Gly Asn Lys Arg Arg
 930 935 940

 Ile Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn
 945 950 955 960
 Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr
 965 970 975
 His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Asn Ala Leu
 980 985 990
 Leu Leu Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr
 995 1000 1005

 Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Ser Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys
 1010 1015 1020
 Phe Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Arg Phe Phe Lys Lys Glu Asp
 1025 1030 1035
 Ile Gln Thr Asn Glu Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Glu Lys
 1040 1045 1050
 His Ile Lys Ile Leu Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn
 1055 1060 1065

 Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu
 1070 1075 1080
 Ser Ile Leu Pro Lys Gly Glu Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys
 1085 1090 1095
 Thr Lys Asn Ser Tyr Trp Asn Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp
 1100 1105 1110
 Ser Pro Val Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Phe Ala Asp Val Glu
 1115 1120 1125

 Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Arg Lys Val Gln Asp Met Val Gly

1130	1135	1140
Ile Thr Ile Met Glu Lys Lys Arg Phe Glu Lys His Pro Val Asp		
1145	1150	1155
Phe Leu Glu Gln Arg Gly Tyr Arg Asn Val Arg Leu Glu Lys Ile		
1160	1165	1170
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Lys Arg		
1175	1180	1185

Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu		
1190	1195	1200
Leu Val Ile Pro Gln Arg Phe Thr Thr Leu Leu Tyr His Ser Tyr		
1205	1210	1215
Gln Ile Glu Lys Asn Tyr Glu Pro Glu His Arg Glu Tyr Val Glu		
1220	1225	1230
Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Glu Tyr Ile Ser Val		
1235	1240	1245

Phe Ser Arg Lys Tyr Val Leu Ala Asp Asn Asn Leu Thr Lys Ile		
1250	1255	1260
Glu Met Leu Phe Ser Lys Asn Lys Asp Ala Glu Val Ser Ser Leu		
1265	1270	1275
Ala Lys Ser Phe Ile Ser Leu Leu Thr Phe Thr Ala Phe Gly Ala		
1280	1285	1290
Pro Ala Ala Phe Asn Phe Phe Gly Glu Asn Ile Asp Arg Lys Arg		
1295	1300	1305

Tyr Thr Ser Val Thr Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln		
1310	1315	1320
Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu		
1325	1330	1335
Gly Glu Asp		
1340		

<210> 58

<211> 1356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 58

Met Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser
1 5 10 15

Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys
20 25 30

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu
35 40 45

Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg
50 55 60

Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu
65 70 75 80

Arg Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Thr Lys Val Asp Glu
85 90 95

Ser Phe Phe Gln Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Arg Trp Asp Asp Asp
100 105 110

Asn Lys Lys Leu Gly Arg Tyr Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Asp Val
115 120 125

Val Lys Tyr His Gln Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His
130 135 140

Leu Ala Asp Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala
145 150 155 160

Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu
165 170 175

Leu Asn Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Phe Val
180 185 190

Gly Val Tyr Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr
195 200 205

Val Asp Ala Ala Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg
210 215 220

Leu Glu Asn Leu Ile Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu
 225 230 235 240
 Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys
 245 250 255
 Met Asn Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp
 260 265 270

 Ser Tyr Glu Glu Asp Leu Gly Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp
 275 280 285
 Tyr Ala Asp Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu
 290 295 300
 Leu Ser Gly Ile Leu Ile Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu
 305 310 315 320
 Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His Gln Glu Asp Leu Glu
 325 330 335

 Lys Leu Lys Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Ser Glu Leu Tyr His Asp
 340 345 350
 Ile Phe Lys Asp Lys Asn Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn
 355 360 365
 Gly Val Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser
 370 375 380
 Lys Ile Ala Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp
 385 390 395 400

 Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln
 405 410 415
 Ile His Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr
 420 425 430
 Tyr Pro Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr
 435 440 445
 Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asp Ser Arg
 450 455 460

 Phe Ser Trp Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn

465 470 475 480
 Phe Asp Lys Val Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr
 485 490 495
 Arg Met Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro
 500 505 510
 Lys His Ser His Val Tyr Glu Thr Tyr Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr
 515 520 525

 Lys Ile Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Asp Ser Phe Phe Asp Ser
 530 535 540
 Asn Met Lys Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys
 545 550 555 560
 Val Thr Lys Glu Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Pro Glu
 565 570 575
 Tyr Arg Ile Lys Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe
 580 585 590

 Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys
 595 600 605
 Ala Phe Leu Asp Asp Lys Val Asn Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Ile
 610 615 620
 Lys Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Lys Asp Met Ile His Glu Arg Leu
 625 630 635 640
 Gln Lys Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Ala Asp Gln Leu Lys Lys Leu Glu
 645 650 655

 Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn
 660 665 670
 Gly Ile Arg Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile
 675 680 685
 Asp Asp Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp
 690 695 700
 Thr Leu Pro Phe Lys Gln Ile Ile Gln Lys Ser Gln Val Val Gly Asp
 705 710 715 720

Val Asp Asp Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750

Lys Val Met Gly Asp Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Ser Gln Ser Gln Gln Arg Leu
770 775 780

Lys Lys Leu Gln Asn Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Asp Lys Val
785 790 795 800

Glu Asn Ser His Leu Gln Asn Asp Gln Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln
805 810 815

Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu
820 825 830

Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp
835 840 845

Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly
850 855 860

Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Asp Ile Val Arg Ala Arg Lys Ala
865 870 875 880

Glu Trp Val Arg Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe
885 890 895

Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys
900 905 910

Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
915 920 925

His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu Ser Asp Glu
930 935 940

Asn Asp Lys Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn
945 950 955 960

Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Phe Glu Phe Tyr Lys Val Arg Glu

965

970

975

Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val

980

985

990

Gly Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val

995

1000

1005

Tyr Gly Glu Tyr Lys Lys Tyr Asp Ile Ser Ser Asp Lys Ala Thr

1010

1015

1020

Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Arg

1025

1030

1035

Val Ile Arg Tyr Ser Asn Gly Lys Val Ile Val Arg Pro Val Val

1040

1045

1050

Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Glu Asp Ile Ala Trp Asp Lys Lys Ser

1055

1060

1065

Asn Phe Arg Thr Ile Cys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn

1070

1075

1080

Ile Val Lys Lys Val Glu Thr Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu

1085

1090

1095

Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys

1100

1105

1110

Thr Lys Lys Ala Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp

1115

1120

1125

Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Phe Val Val Ala Asp Val Glu

1130

1135

1140

Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Leu Val Gly

1145

1150

1155

Ile Ser Ile Met Glu Arg Ser Phe Phe Glu Glu Asn Pro Val Glu

1160

1165

1170

Phe Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His Asn Ile Arg Glu Asp Lys Leu

1175

1180

1185

Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Gly Gly Lys

1190

1195

1200

Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu
1205 1210 1215

Met Val Ile Pro Gly His Leu Val Lys Leu Leu Tyr His Ala Gln
1220 1225 1230

Arg Ile Asn Ser Phe Asn Ser Thr Lys Tyr Leu Asp Tyr Val Ser
1235 1240 1245

Ala His Lys Lys Glu Phe Glu Lys Val Leu Ser Cys Val Glu Asp
1250 1255 1260

Phe Ala Asn Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Leu Ser Lys Ile
1265 1270 1275

Arg Ala Val Ala Asp Ser Met Asp Asn Phe Ser Ile Glu Glu Ile
1280 1285 1290

Ser Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala
1295 1300 1305

Pro Ala Asp Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg Lys Arg
1310 1315 1320

Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln
1325 1330 1335

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Ile
1340 1345 1350

Gly Glu Glu
1355

<210> 59

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 59

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Ile
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95

 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asp Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220

 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Val
 340 345 350

 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415

 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
530 535 540

Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
545 550 555 560

Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
565 570 575

Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
625 630 635 640

Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
660 665 670

Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
675 680 685

Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
690 695 700

Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys
705 710 715 720

Glu Val Ile Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735

Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
740 745 750

Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu

770	775	780	
Ser Leu Ala Asn Leu Lys	Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp		
785	790	795	800
Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr			
805	810	815	
Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp			
820	825	830	
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile			
835	840	845	
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn			
850	855	860	
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys			
865	870	875	880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
885	890	895	
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
900	905	910	
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
915	920	925	
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
930	935	940	
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Val Phe Tyr Lys Ile			
965	970	975	
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
980	985	990	
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
995	1000	1005	
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
1010	1015	1020	

Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Thr
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp

1250	1255	1260
Asp Ile Phe Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Arg Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365
<210> 60		
<211> 1365		
<212> PRT		
<213> Streptococcus agalactiae		
<400> 60		
Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1 5 10 15		
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met		
20 25 30		
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35 40 45		
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu		
50 55 60		
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu		
65 70 75 80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser		
85 90 95		

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Gln Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe

340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr

 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro

 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met

 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser

 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605
Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620
Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640
Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655
His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670
Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685
Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Leu Tyr Arg Arg Lys Lys Leu Ser Lys Ile Val
 1010 1015 1020
 Arg Ala Thr Arg Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Met
 1025 1030 1035
 Phe Lys Arg Val Val Arg Leu Ala Asp Gly Ser Ile Val Val Arg
 1040 1045 1050
 Pro Val Ile Glu Thr Gly Arg Tyr Met Gly Lys Thr Ala Trp Asp

 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080

Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Lys Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305	
Leu Phe	Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe

1310 1315 1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365
<210> 61
<211> 1365
<212> PRT
<213> Streptococcus agalactiae
<400> 61
Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
115 120 125
His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asn Ile Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
370 375 380

Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His

405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750

Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu		
995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys		
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro		
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140

Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305	
Leu Phe	Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320	
Phe Asp	Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335	
Val Leu	Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350	
Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365	

<210> 62

<

211> 1369

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 62

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Ile Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn

 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu

 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu		
995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys		
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro		
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Thr Ile Asp
1205 1210 1215
Arg Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met
1220 1225 1230
Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys
1235 1240 1245
Pro Glu Glu Ile Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val
1250 1255 1260
Ser Tyr Phe Asp Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys
1265 1270 1275
Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu
1280 1285 1290
Tyr Gln Asp Asn Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn
1295 1300 1305
Asn Ile Ile Asn Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala
1310 1315 1320
Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr
1325 1330 1335
Ser Thr Lys Glu Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile
1340 1345 1350
Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu
1355 1360 1365
Asp

<210> 63

<211> 1363

<212> PRT

<213>

> Streptococcus agalactiae

<400> 63

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20	25	30
Arg Val Leu Gly Asn Thr	Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile	
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr	Ala Ala Asp Arg Arg Leu	
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu		
65	70	75
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser		
85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg		
100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr		
115	120	125
His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp		
130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His		
145	150	155
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp		
165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile		
180	185	190
Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp		
195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp		
210	215	220
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala		
225	230	235
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr		
245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320

 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380

 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445

 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510

 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575

 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Ile Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640

 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700

 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu

770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr

785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Lys

900 905 910

Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys

915 920 925

His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu Asp Ser

930 935 940

Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn

945 950 955 960

Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile Arg Glu

965 970 975

Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val

980 985 990

Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val

995 1000 1005

Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg Lys Ala

1010	1015	1020
Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1025	1030	1035
Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys Asp Asp		
1040	1045	1050
Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Lys		
1055	1060	1065
Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Asn		
1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1085	1090	1095
Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg		
1100	1105	1110
Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe		
1115	1120	1125
Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Asp Ile		
1130	1135	1140
Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu Leu Leu		
1145	1150	1155
Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn Pro Ser		
1160	1165	1170
Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala Asp Lys		
1175	1180	1185
Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly		
1190	1195	1200
Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn		
1205	1210	1215
Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr Leu Ala		
1220	1225	1230
Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile Glu Lys		
1235	1240	1245

Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp Asp Ile
1250 1255 1260

Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp
1265 1270 1275

Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn Lys Glu
1280 1285 1290

Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn Leu Phe
1295 1300 1305

Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp
1310 1315 1320

Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu
1325 1330 1335

Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
1340 1345 1350

Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360

<210> 64

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 64

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140

 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205

 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270

 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495
Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His		
500	505	510
Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val		
515	520	525
Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile		
530	535	540
Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser		
545	550	555
Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg		
565	570	575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750

Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820	825	830
Asp Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu		
995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys		
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065

Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Asn	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn

1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335

 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 65
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 65
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe

340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr

355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380

Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His

 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125

Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305	
Leu Phe	Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320	
Phe Asp	Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335	
Val Leu	Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350	
Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	

1355 1360 1365

<210> 66

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 66

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

 35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

 115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

 130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

 165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

 180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

 195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
370 375 380

Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
405 410 415

Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
420 425 430

Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540

 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605

 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670

 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945	950	955	960
Ser Asn Leu Val	Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr	Lys Tyr Pro Gln Leu	Glu Pro Glu	
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro	Lys Tyr Asn Ser Tyr	Lys Thr Arg	
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe	
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys	
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp	
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro	
	1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe	
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile	
	1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly	
	1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala	
	1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu	
	1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn	
	1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala	
	1175	1180	1185

Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu
1190 1195 1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Gly Asp
1355 1360 1365

<210> 67

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 67

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser

 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
945 950 955 960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
965 970 975

Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
995 1000 1005

Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245

Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260
 Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

 1355 1360 1365
 <210> 68
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 68
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr			
	115	120	125
His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp			
	130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp			
	165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile			
	180	185	190
Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
	195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
	210	215	220
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr			
	245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr			
	260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala			
	275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser			
	290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu			
	325	330	335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365

 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala

580	585	590
Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe		
595	600	605
Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr		
610	615	620
Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn		
625	630	635
Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg		
645	650	655
His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile		
660	665	670
Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp		
675	680	685
Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu		
690	695	700
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp		
705	710	715
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys		
725	730	735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val		
740	745	750
Val Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn		
755	760	765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu		
770	775	780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr		
785	790	795
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp		
820	825	830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945 950 955 960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

965 970 975

Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995 1000 1005

Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

1010 1015 1020

Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

1025 1030 1035

Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

1040 1045 1050

Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

1055 1060 1065

Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 69
 <
 211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 69
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Arg Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
405 410 415

Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
420 425 430

Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
450 455 460

Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
465 470 475 480

Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
485 490 495

Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg

645 650 655
His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670
Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685
Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu

690 695 700
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn

755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu

1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp

1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe

1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365

<210> 70

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400>

70

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Ser Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255

 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320

 Tyr Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380

 Glu Asp Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445

 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510

 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Val
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Gln Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg
 565 570 575

 Ile Val Asp Val Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Ile Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640

 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Arg Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700

 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ser Gly Ser His Ser Asp

705	710	715	720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys			
725	730	735	
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val			
740	745	750	
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn			
755	760	765	
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu			
770	775	780	
Leu Glu Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr			
785	790	795	800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr			
805	810	815	
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp			
820	825	830	
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile			
835	840	845	
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn			
850	855	860	
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg			
865	870	875	880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Ile Ser Gln Arg			
885	890	895	
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Pro Asp			
900	905	910	
Asp Lys Ala Gly Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
915	920	925	
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Lys Val			
930	935	940	
Asp Asp Asn Asn Lys Pro Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Glu Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Ser Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly			
	1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Leu Ala			
	1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu			
	1145	1150	1155
Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Glu Arg Phe Glu Lys Asn			
	1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Thr			
	1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu			

1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Ile Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Ser Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Asp Asn Thr Pro Val Asp Glu Leu Ala Lys Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320

Phe Asp Lys Ser Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asp Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp		
1355	1360	1365

<210> 71

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 71

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met			

20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

 260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln His Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
 530 535 540
 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser

 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
 660 665 670
 Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys

 705 710 715 720
 Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
 740 745 750
 Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765

Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu

770

775

780

Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp

785

790

795

800

Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805

810

815

Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp

820

825

830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835

840

845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850

855

860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys

865

870

875

880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885

890

895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900

905

910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

915

920

925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930

935

940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945

950

955

960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

965

970

975

Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980

985

990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995

1000

1005

Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu

1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn

1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 72

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 72

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140

 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205

 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270

 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495
Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His		
500	505	510
Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val		
515	520	525
Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys		
530	535	540
Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val		
545	550	555
Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu		
565	570	575

Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
625 630 635 640

Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Glu Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
660 665 670

Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
675 680 685

Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
690 695 700

Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Leu Asp Asn Leu Lys
705 710 715 720

Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735

Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
740 745 750

Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
770 775 780

Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
785 790 795 800

Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815

Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp

820	825	830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu		
995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys		
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065

Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Val Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Thr
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Tyr Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Gln	Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Pro Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn

1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335

 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Gly
 1355 1360 1365
 <210> 73
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 73
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe

340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr

355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380

Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His

 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys

 530 535 540
 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn

 595 600 605
 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
 625 630 635 640

Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
 660 665 670
 Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Leu Asp Asn Leu Lys
 705 710 715 720
 Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
 740 745 750
 Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
 770 775 780
 Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
 785 790 795 800
 Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125

Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Thr
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Tyr Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Gln	Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Pro Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305	
Leu Phe	Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320	
Phe Asp	Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335	
Val Leu	Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350	
Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Gly	

1355 1360 1365

<210> 74

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 74

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

 35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr

 115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

 130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

 165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

 180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

 195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
370 375 380

Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
405 410 415

Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
420 425 430

Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
 530 535 540

 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605

 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
 660 665 670

 Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700

Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys
705 710 715 720
Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735

Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
740 745 750
Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765
Ala Lys Gly Leu Ser Arg Leu Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
770 775 780
Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
785 790 795 800

Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945	950	955	960
Ser Asn Leu Val	Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr	Lys Tyr Pro Gln Leu	Glu Pro Glu	
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro	Lys Tyr Asn Ser Tyr	Lys Thr Arg	
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe	
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys	
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp	
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro	
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe	
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile	
	1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly	
	1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala	
	1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu	
	1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn	
	1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp	
	1175	1180	1185

Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu
1190 1195 1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Asp Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 75
<211> 1365
<212> PRT
<213> Streptococcus agalactiae
<400> 75

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
 530 535 540
 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val

 545 550 555 560
 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu

 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
 660 665 670
 Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala

 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys
 705 710 715 720
 Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr

 740 745 750
 Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765

Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
770 775 780

Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
785 790 795 800

Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815

Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp
820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
945 950 955 960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
965 970 975

Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995 1000 1005

Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp

1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly

1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp

1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile

1235	1240	1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 76
<211> 1365
<212> PRT
<213> Streptococcus agalactiae
<400> 76

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr			
	115	120	125
His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp			
	130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp			
	165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile			
	180	185	190
Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
	195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
	210	215	220
Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His			
	245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr			
	260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala			
	275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser			
	290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu			
	325	330	335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365

 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
 530 535 540
 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
 545 550 555 560

 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser

580	585	590
Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn		
595	600	605
Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu		
610	615	620
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp		
625	630	635
640		
Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr		
645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys		
660	665	670
Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala		
675	680	685
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys		
690	695	700
Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys		
705	710	715
720		
Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile		
725	730	735
Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr		
740	745	750
Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu		
770	775	780
Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp		
785	790	795
800		
Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp		
820	825	830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945 950 955 960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

965 970 975

Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995 1000 1005

Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

1010 1015 1020

Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

1025 1030 1035

Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

1040 1045 1050

Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

1055 1060 1065

Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Lys Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Lys Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 77
 <
 211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 77
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Leu Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys
 530 535 540
 Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu
 565 570 575
 Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp
 625 630 635 640
 Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr

645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys
 660 665 670
 Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys

 690 695 700
 Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys
 705 710 715 720
 Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
 740 745 750
 Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

 755 760 765
 Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
 770 775 780
 Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
 785 790 795 800
 Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp

 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

 885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asp	Ile Arg Asp
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu

1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp

1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe

1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365

<210> 78

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<220>

<221> misc_feature

<222> (117)..(117)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 78

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Xaa Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn

 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu

690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp

705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys

725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740 745 750

Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn

755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu

770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr

785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe

 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly

 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu

 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn

 1160 1165 1170

Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala

1175 1180 1185

Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu

1190 1195 1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys

1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr

1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile

1235 1240 1245

Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu

1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn

1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 79

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400>

79

Met	Asn	Lys	Pro	Tyr	Ser	Ile	Gly	Leu	Asp	Ile	Gly	Thr	Asn	Ser	Val
1				5					10					15	
Gly	Trp	Ser	Ile	Ile	Thr	Asp	Asp	Tyr	Lys	Val	Pro	Ala	Lys	Lys	Met
			20					25					30		
Arg	Val	Leu	Gly	Asn	Thr	Asp	Lys	Glu	Tyr	Ile	Lys	Lys	Asn	Leu	Ile
		35					40						45		
Gly	Ala	Leu	Leu	Phe	Asp	Gly	Gly	Asn	Thr	Ala	Ala	Asp	Arg	Arg	Leu
	50					55				60					
Lys	Arg	Thr	Ser	Arg	Arg	Arg	Tyr	Thr	Arg	Arg	Arg	Asn	Arg	Ile	Leu
65				70					75					80	
Tyr	Leu	Gln	Glu	Ile	Phe	Ala	Glu	Glu	Met	Ser	Lys	Val	Asp	Asp	Ser
			85					90					95		
Phe	Phe	His	Arg	Leu	Glu	Asp	Ser	Phe	Leu	Val	Glu	Glu	Asp	Lys	Arg
		100					105						110		
Gly	Ser	Lys	Tyr	Pro	Ile	Phe	Ala	Thr	Leu	Gln	Glu	Glu	Lys	Asp	Tyr
	115					120				125					
His	Glu	Lys	Phe	Ser	Thr	Ile	Tyr	His	Leu	Arg	Lys	Glu	Leu	Ala	Asp
	130					135				140					
Lys	Lys	Glu	Lys	Ala	Asp	Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	Ile	Ala	Leu	Ala	His
145			150					155					160		
Ile	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	His	Phe	Leu	Ile	Glu	Asp	Asp	Ser	Phe	Asp
			165					170					175		
Val	Arg	Asn	Thr	Asp	Ile	Ser	Lys	Gln	Tyr	Gln	Asp	Phe	Leu	Glu	Ile
		180						185					190		
Phe	Asn	Thr	Thr	Phe	Glu	Asn	Asn	Asp	Leu	Leu	Ser	Gln	Asn	Val	Asp
	195					200						205			
Val	Glu	Ala	Ile	Leu	Thr	Asp	Lys	Ile	Ser	Lys	Ser	Ala	Lys	Lys	Asp
	210					215						220			
Arg	Ile	Leu	Ala	Gln	Tyr	Pro	Asn	Gln	Lys	Ser	Thr	Gly	Ile	Phe	Ala
225			230					235				240			
Glu	Phe	Leu	Lys	Leu	Ile	Val	Gly	Asn	Gln	Ala	Asp	Phe	Lys	Lys	Tyr

245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala		
275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser		
290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala		
305	310	315
		320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu		
325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
		480
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495

Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740	745	750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn		
755	760	765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu		
770	775	780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr		
785	790	795
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp		
820	825	830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990

Val	Val	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu
995				1000				1005							
Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Thr	Arg	
1010				1015				1020							
Lys	Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	
1025				1030				1035							
Phe	Lys	Thr	Lys	Val	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Thr	Val	Val	Val	Lys	
1040				1045				1050							
Asp	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Asn	Asp	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	
1055				1060				1065							
Lys	Lys	Lys	His	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Tyr	Pro	
1070				1075				1080							
Gln	Asn	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	
1085				1090				1095							
Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Gly	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	
1100				1105				1110							
Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Asp	Ile	Tyr	Leu	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	
1115				1120				1125							
Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Ile	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	
1130				1135				1140							
Asp	Ile	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Gln	Lys	Leu	Lys	Thr	Val	Thr	Glu	
1145				1150				1155							
Leu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Arg	Phe	Glu	Lys	Asn	
1160				1165				1170							
Pro	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Ser	Lys	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ile	Arg	Ala	
1175				1180				1185							
Asp	Lys	Leu	Ile	Ile	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	
1190				1195				1200							
Asn	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	
1205				1210				1215							
Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	Leu	Pro	Thr	Gln	Phe	Met	Lys	Phe	Leu	Tyr	

1220 1225 1230
 Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
 1235 1240 1245
 Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365

<210> 80

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 80

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Cys Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asn Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp

195 200 205

Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile

 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg
 865 870 875 880
 Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050

Asp Asp	Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065	
Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Phe Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Tyr Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Gln	Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn

1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365
<210> 81		
<211> 1365		
<212> PRT		
<213> Streptococcus agalactiae		
<400> 81		
Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1 5 10 15		
Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met		
20 25 30		
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35 40 45		
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu		
50 55 60		
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu		
65 70 75 80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser		
85 90 95		
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg		
100 105 110		
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr		
115 120 125		

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
195 200 205

Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655

 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720

 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780

 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845

 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg

865	870	875	880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
	930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 82
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 82
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
 195 200 205
 Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685

Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg
 865 870 875 880
 Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Arg Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala
 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170

Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp
1175 1180 1185

Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu
1190 1195 1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 83

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 83

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met			
	20	25	30
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
	35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu			
	50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser			
	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr			
	115	120	125
His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp			
	130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asn Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp			
	165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile			
	180	185	190
Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp			
	195	200	205
Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
	210	215	220
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His			
	245	250	255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285

 Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350

 Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415

 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540

 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605

 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670

 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735

 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750

Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg
865 870 875 880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
945 950 955 960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
965 970 975
Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro	Lys Tyr Asn Ser Tyr	Lys Thr Arg
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Phe Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Tyr Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
 1235 1240 1245
 Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260
 Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Phe Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365

<210> 84

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 84

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asn Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
 195 200 205
 Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350
Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365
Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
370 375 380
Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
385 390 395 400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
405 410 415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
420 425 430
Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
435 440 445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
450 455 460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
465 470 475 480
Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
485 490 495
Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510
Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525
Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540
Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560
Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp

 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

 805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg

 865 870 875 880
 Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly

1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Phe Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp

1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Tyr Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile

1235	1240	1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 85

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 85

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asp Thr Ser Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Val
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

 Lys Lys Gln Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Ile Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Arg Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685

 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ser Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750

 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Glu Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815

 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg

865	870	875	880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Ile Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Pro Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Gly Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Lys Val			
	930	935	940
Asp Asp Asn Asn Lys Pro Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Glu Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Ser Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Leu Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu		
1145	1150	1155
Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Glu Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Thr		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Ser Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Asp Asn Thr Pro Val Asp Glu Leu Ala Lys Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ser Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asp Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 86
 <
 211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 86
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180	185	190	
Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
195	200	205	
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
210	215	220	
Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His			
245	250	255	
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr			
260	265	270	
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala			
275	280	285	
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser			
290	295	300	
Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu			
325	330	335	
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe			
340	345	350	
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr			
355	360	365	
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln			
370	375	380	
Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu			
385	390	395	400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His			
405	410	415	
Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro			
420	425	430	

Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

450 455 460

Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

465 470 475 480

Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met

485 490 495

Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525

Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys

530 535 540

Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val

545 550 555 560

Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu

565 570 575

Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser

580 585 590

Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605

Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu

610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp

625 630 635 640

Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr

645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys

660 665 670

Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala

675 680 685
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys

690 695 700
Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys
705 710 715 720
Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735
Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr
740 745 750
Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

755 760 765
Ala Lys Gly Leu Ser Arg Leu Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
770 775 780
Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
785 790 795 800
Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp

820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp Leu Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp
1175 1180 1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu

1190 1195 1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Asp Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290
Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 87

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400>

87

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg
100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Phe Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
195 200 205

Ile Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala		
275	280	285
Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser		
290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala		
305	310	315
		320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu		
325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
		480
Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495

Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Lys Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740	745	750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn		
755	760	765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu		
770	775	780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr		
785	790	795
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Lys Ala Leu Asp Ile Asp		
820	825	830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990

Val	Val	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu
995				1000				1005							
Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Thr	Arg	
1010				1015				1020							
Lys	Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	
1025				1030				1035							
Phe	Lys	Thr	Lys	Val	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Thr	Val	Val	Val	Lys	
1040				1045				1050							
Asp	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Asn	Asp	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	
1055				1060				1065							
Lys	Lys	Lys	His	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Tyr	Pro	
1070				1075				1080							
Gln	Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	
1085				1090				1095							
Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Gly	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	
1100				1105				1110							
Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Asp	Ile	Tyr	Leu	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	
1115				1120				1125							
Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Ile	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	
1130				1135				1140							
Asp	Ile	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Gln	Lys	Leu	Lys	Thr	Val	Thr	Glu	
1145				1150				1155							
Leu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Arg	Phe	Glu	Lys	Asn	
1160				1165				1170							
Pro	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Ser	Lys	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ile	Arg	Asp	
1175				1180				1185							
Asp	Lys	Leu	Met	Ile	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	
1190				1195				1200							
Asn	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	
1205				1210				1215							
Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	Leu	Pro	Thr	Gln	Phe	Met	Lys	Phe	Leu	Tyr	

1220 1225 1230
 Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
 1235 1240 1245
 Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365

<210> 88

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 88

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Phe Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp

195 200 205

Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Lys Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Lys Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050

Asp Asp	Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065	
Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Leu Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Gln	Lys Gln Glu Phe Val	Val Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Ile Ile Asn	Asp Phe Ser Asn Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn

1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 89
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 89
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655

 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720

 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780

 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845

 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865	870	875	880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
	930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 90
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 90
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
 180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
 195 200 205
 Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Ala Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685

Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg
 865 870 875 880
 Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala
 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170

Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp
1175 1180 1185

Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu
1190 1195 1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 91

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 91

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met			
	20	25	30
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
	35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu			
	50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser			
	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr			
	115	120	125
His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp			
	130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp			
	165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile			
	180	185	190
Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
	195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
	210	215	220
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr			
	245	250	255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285

 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350

 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415

 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540

 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605

 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670

 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735

 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750

Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
945 950 955 960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
965 970 975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro	Lys Tyr Asn Ser Tyr	Lys Thr Arg
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Ala Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 92

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 92

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Ser Leu Ser Asp
 305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
370 375 380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
385 390 395 400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
405 410 415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
420 425 430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
435 440 445
Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
450 455 460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
465 470 475 480
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
485 490 495
Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510
Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525
Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540
Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560
Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

 805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly

1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala

1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile

1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 93

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 93

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175

 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240

 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300

 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365

 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685

 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750

 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815

 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865	870	875	880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Ile Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
	930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 94
 <
 211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 94
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180	185	190	
Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
195	200	205	
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
210	215	220	
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr			
245	250	255	
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr			
260	265	270	
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala			
275	280	285	
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser			
290	295	300	
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu			
325	330	335	
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe			
340	345	350	
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr			
355	360	365	
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln			
370	375	380	
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu			
385	390	395	400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His			
405	410	415	
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro			
420	425	430	

Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

450 455 460

Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

465 470 475 480

Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met

485 490 495

Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser

545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala

580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn

625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg

645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

675 680 685
Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu

690 695 700
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn

755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Val Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala
1175 1180 1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu

1190 1195 1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 95

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400>

95

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala		
275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser		
290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala		
305	310	315
		320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu		
325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
		480
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495

Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740	745	750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn		
755	760	765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu		
770	775	780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr		
785	790	795
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp		
820	825	830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Leu Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990

Val	Val	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu
995				1000				1005							
Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Thr	Arg	
1010				1015				1020							
Lys	Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	
1025				1030				1035							
Phe	Lys	Thr	Lys	Val	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Thr	Val	Val	Val	Lys	
1040				1045				1050							
Asp	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Asn	Asp	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	
1055				1060				1065							
Lys	Lys	Lys	His	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Tyr	Pro	
1070				1075				1080							
Gln	Asn	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	
1085				1090				1095							
Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Gly	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	
1100				1105				1110							
Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Asp	Ile	Tyr	Leu	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	
1115				1120				1125							
Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Ile	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	
1130				1135				1140							
Asp	Ile	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Gln	Lys	Leu	Lys	Thr	Val	Thr	Glu	
1145				1150				1155							
Leu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Arg	Phe	Glu	Lys	Asn	
1160				1165				1170							
Pro	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Ser	Lys	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ile	Arg	Ala	
1175				1180				1185							
Asp	Lys	Leu	Ile	Ile	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	
1190				1195				1200							
Asn	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	
1205				1210				1215							
Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	Leu	Pro	Thr	Gln	Phe	Met	Lys	Phe	Leu	Tyr	

1220 1225 1230
 Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
 1235 1240 1245
 Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Gly Asp
 1355 1360 1365

<210> 96

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 96

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050

Asp Asp	Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065	
Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Asn	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn

1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320
 Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365

<210> 97

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 97

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asn Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp
195 200 205

Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655

 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720

 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Lys Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780

 Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845

 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg

865	870	875	880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
	930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 98
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 98
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Arg Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys

1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile

1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala
 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170

Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290	
Lys Glu	Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305	
Leu Phe	Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320	
Phe Asp	Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335	
Val Leu	Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350	
Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365	

<210> 99

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 99

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1	5	10	15
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met			
	20	25	30
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
	35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu			
	50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser			
	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Tyr Tyr			
	115	120	125
His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp			
	130	135	140
Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp			
	165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile			
	180	185	190
Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp			
	195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
	210	215	220
Arg Ile Leu Ala Arg Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His			
	245	250	255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285

 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350

 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415

 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480

 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500	505	510	
Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val			
515	520	525	
Arg Phe Leu Ala Glu Gly Phe Lys Asp Phe Gln Phe Leu Asn Arg Lys			
530	535	540	
Gln Lys Glu Thr Ile Phe Asn Ser Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val			
545	550	555	560
Thr Glu Lys Asp Ile Ile Ser Phe Leu Asn Lys Val Asp Gly Tyr Glu			
565	570	575	
Gly Ile Ala Ile Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser			
580	585	590	
Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe Leu Asp Asn			
595	600	605	
Thr Asp Asn Glu Leu Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr Leu Thr Leu			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Asp Ile Tyr Lys Asp			
625	630	635	640
Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg His Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asn Lys			
660	665	670	
Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Ser Ala			
675	680	685	
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu Ser Phe Lys			
690	695	700	
Pro Ile Ile Asp Lys Ala Arg Thr Gly Ser His Ser Asp Asn Leu Lys			
705	710	715	720
Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile			
725	730	735	
Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr			
740	745	750	

Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765
Ala Lys Gly Leu Ser Arg Ser Arg Gln Arg Leu Thr Thr Leu Arg Glu
770 775 780
Ser Leu Ala Asn Leu Lys Ser Glu Lys Lys Pro Lys Tyr Val Lys Asp
785 790 795 800

Gln Val Glu Asn His His Leu Ser Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Asp Glu Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Val Glu Ile Val Lys Asp Cys
865 870 875 880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
930 935 940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
945 950 955 960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
965 970 975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
980 985 990

Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro	Lys Tyr Asn Ser Tyr	Lys Thr Arg
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe	Phe Tyr Ser Asn Ile	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu	Ala Asp Gly Thr Val	Val Val Lys
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Asp
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245

Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Pro Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Lys Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 100

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 100

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

 805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu

 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Ile Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp

1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly

1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala

1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile

1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn
1280	1285	1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 101

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 101

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175

 Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile
 180 185 190
 Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
 195 200 205
 Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
 210 215 220
 Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240

 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300

 Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365

 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430

 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495

 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685

 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750

 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815

 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865	870	875	880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Ser Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu			
	930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 102

 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <400> 102
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ser Asp Arg Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Asp Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

 115 120 125
 His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140
 Lys Lys Glu Lys Ala Asn Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp
 165 170 175
 Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Arg Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180	185	190	
Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Ile Asp			
195	200	205	
Val Glu Gly Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp			
210	215	220	
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala			
225	230	235	240
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His			
245	250	255	
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr			
260	265	270	
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala			
275	280	285	
Asp Leu Phe Ser Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser			
290	295	300	
Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu			
325	330	335	
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe			
340	345	350	
Thr Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Ser Lys Thr			
355	360	365	
Asn Gln Gly Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln			
370	375	380	
Glu Gly Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu			
385	390	395	400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His			
405	410	415	
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro			
420	425	430	

Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg

435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

450 455 460

Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

465 470 475 480

Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met

485 490 495

Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His

500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser

545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg

565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala

580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe

595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr

610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn

625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg

645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp

675 680 685
Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu

690 695 700
Ser Phe Lys Pro Ile Ile Asp Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Val Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn

755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Thr Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780
Leu Glu Glu Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg
865 870 875 880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp
900 905 910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg

 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro

 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala

 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu
 1145 1150 1155
 Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asn

1160 1165 1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Asp
1175 1180 1185
Asp Lys Leu Met Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu

1190 1195 1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys
1205 1210 1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr
1220 1225 1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Leu Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
1235 1240 1245
Glu Gln Lys Gln Glu Phe Val Val Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260
Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu
1265 1270 1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
1280 1285 1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
1295 1300 1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
1325 1330 1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
1340 1345 1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360 1365

<210> 103

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400

> 103

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala		
275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser		
290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala		
305	310	315
		320
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu		
325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
		400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala		
450	455	460
Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu		
465	470	475
		480
Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met		
485	490	495

Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
500 505 510

Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
530 535 540

Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
565 570 575

Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
580 585 590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
595 600 605

Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640

Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740	745	750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn		
755	760	765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu		
770	775	780
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr		
785	790	795
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr		
805	810	815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp		
820	825	830
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile		
835	840	845
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn		
850	855	860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys		
865	870	875
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg		
885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp		
900	905	910
Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu		
930	935	940
Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys		
945	950	955
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile		
965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990

Val	Val	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu
995				1000				1005							
Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Thr	Arg	
1010				1015				1020							
Lys	Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	
1025				1030				1035							
Phe	Lys	Thr	Lys	Val	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Thr	Val	Val	Val	Lys	
1040				1045				1050							
Asp	Asp	Ile	Glu	Val	Asn	Asn	Asp	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	
1055				1060				1065							
Lys	Lys	Lys	His	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Tyr	Pro	
1070				1075				1080							
Gln	Asn	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	
1085				1090				1095							
Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Gly	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	
1100				1105				1110							
Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Asp	Ile	Tyr	Leu	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	
1115				1120				1125							
Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Ile	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	
1130				1135				1140							
Asp	Ile	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Gln	Lys	Leu	Lys	Thr	Val	Thr	Glu	
1145				1150				1155							
Leu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Arg	Phe	Glu	Lys	Asn	
1160				1165				1170							
Leu	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Ser	Lys	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ile	Arg	Ala	
1175				1180				1185							
Asp	Lys	Leu	Ile	Ile	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	
1190				1195				1200							
Asn	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	
1205				1210				1215							
Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	Leu	Pro	Thr	Gln	Phe	Met	Lys	Phe	Leu	Tyr	

1220 1225 1230
 Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile
 1235 1240 1245
 Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp
 1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn
 1280 1285 1290
 Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn
 1295 1300 1305
 Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe
 1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu
 1325 1330 1335
 Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365

<210> 104

<211> 1365

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 104

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala

225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr

245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu

 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Asp Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala

 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val

 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560

Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720
 Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
 770 775 780
 Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
 820 825 830
 Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

 835 840 845
 Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys
 865 870 875 880
 Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg
 885 890 895
 Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

 900 905 910
 Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

 965 970 975
 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe

 1025 1030 1035
 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050

Asp Asp	Ile Glu Val Asn Asn	Asp Thr Gly Glu Ile	Val Trp Asp
1055	1060	1065	
Lys Lys	Lys His Phe Ala Thr	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080	
Gln Asn	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Ile Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095	
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Ala	His Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Tyr Leu Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Ile Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Lys Lys Gly Lys Ala	Gln Lys Leu Lys Thr	Val Thr Glu
1145	1150	1155	
Leu Leu	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Arg Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ser	Ala Phe Leu Glu Ser	Lys Gly Tyr Leu Asn	Ile Arg Ala
1175	1180	1185	
Asp Lys	Leu Ile Ile Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Leu Ala Leu Pro	Thr Gln Phe Met Lys	Phe Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Ser Arg Tyr Asn Glu	Ser Lys Gly Lys Pro	Glu Glu Ile
1235	1240	1245	
Glu Lys	Lys Gln Glu Phe Val	Asn Gln His Val Ser	Tyr Phe Asp
1250	1255	1260	
Asp Ile	Leu Gln Leu Ile Asn	Asp Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1265	1270	1275	
Ala Asp	Ala Asn Leu Glu Lys	Ile Asn Lys Leu Tyr	Gln Asp Asn

1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp	Glu Leu Ala Asn Asn	Ile Ile Asn
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly	Lys Leu Gly Glu Asp	
1355	1360	1365
<210> 105		
<211> 1365		
<212> PRT		
<213> Streptococcus agalactiae		
<400> 105		
Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1 5 10 15		
Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met		
20 25 30		
Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile		
35 40 45		
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu		
50 55 60		
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu		
65 70 75 80		
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser		
85 90 95		
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg		
100 105 110		
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Met Gln Glu Glu Lys Asp Tyr		
115 120 125		

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp
165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile
180 185 190

Phe Asp Thr Ser Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp
195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp
210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
225 230 235 240

Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
245 250 255

Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285

Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
325 330 335

Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350

Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
355 360 365

Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln

370 375 380
 Glu Asp Ser Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Val
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Gln Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620

Ile Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
625 630 635 640
Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670
Arg Asp Arg Glu Ser Gln Lys Ile Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Ser Asp
675 680 685
Gly Arg Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu
690 695 700
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ser Gly Ser His Ser Asp
705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu
770 775 780

Leu Glu Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asp Ile Leu Lys Glu Tyr
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp
820 825 830
Ser Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Ile Asp Ile Val Lys Ala Arg

865	870	875	880
Lys Ala Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Ile Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Pro Asp			
	900	905	910
Asp Lys Ala Gly Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile			
	915	920	925
Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Lys Val			
	930	935	940
Asp Asp Asn Asn Lys Pro Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys			
945	950	955	960
Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile			
	965	970	975
Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala			
	980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu			
	995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg			
	1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe			
	1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Glu Thr Val Val Val Lys			
	1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp			
	1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro			
	1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Ser Asn Ser Asp Lys Leu Ile			
	1100	1105	1110

Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly			
1115	1120	1125	
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Leu Ala			
1130	1135	1140	
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu			
1145	1150	1155	
Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Glu Arg Phe Glu Lys Asn			
1160	1165	1170	
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Thr			
1175	1180	1185	
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu			
1190	1195	1200	
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys			
1205	1210	1215	
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Tyr Met Lys Phe Leu Tyr			
1220	1225	1230	
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile			
1235	1240	1245	
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp			
1250	1255	1260	
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu			
1265	1270	1275	
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Ser Asp Asn			
1280	1285	1290	
Lys Asp Asn Thr Pro Val Asp Glu Leu Ala Lys Asn Ile Ile Asn			
1295	1300	1305	
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe			
1310	1315	1320	
Phe Asp Lys Ser Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu			
1325	1330	1335	
Val Leu Asp Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr			

1340 1345 1350
 Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360 1365
 <210> 106
 <211> 1365
 <212> PRT
 <213> Streptococcus agalactiae
 <220><221> misc_feature
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 106
 Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Xaa Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

 Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Phe Ser Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
 130 135 140

 Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Ile Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Ser Phe Asp

165	170	175
Val Arg Asn Thr Asp Ile Ser Lys Gln Tyr Gln Asp Phe Leu Glu Ile		
180	185	190
Phe Asn Thr Thr Phe Glu Asn Asn Asp Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp		
195	200	205
Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp		
210	215	220
Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asn Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala		
225	230	235
Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Tyr		
245	250	255
Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr		
260	265	270
Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala		
275	280	285
Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser		
290	295	300
Gly Ile Leu Thr Val Ile Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala		
305	310	315
Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu		
325	330	335
Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe		
340	345	350
Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln		
370	375	380
Glu Asp Ser Glu Asn Phe Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415

Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460

 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu
 465 470 475 480
 Asp Leu Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Phe Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525

 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu His Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Glu Asn
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Leu Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655

 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

660	665	670	
Arg Asp Lys Glu Ser Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp			
675	680	685	
Gly Arg Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu			
690	695	700	
Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ala Gly Ser His Ser Asp			
705	710	715	720
Asn Leu Lys Glu Val Val Gly Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys			
725	730	735	
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val			
740	745	750	
Met Gly Tyr Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn			
755	760	765	
Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu			
770	775	780	
Leu Asp Asp Gly Val Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr			
785	790	795	800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr			
805	810	815	
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp			
820	825	830	
Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile			
835	840	845	
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn			
850	855	860	
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys			
865	870	875	880
Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg			
885	890	895	
Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp			
900	905	910	

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 915 920 925
 Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu
 930 935 940
 Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys
 945 950 955 960
 Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile
 965 970 975

 Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
 980 985 990
 Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu
 995 1000 1005
 Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe
 1025 1030 1035

 Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys
 1040 1045 1050
 Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe
 1085 1090 1095

 Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile
 1100 1105 1110
 Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly
 1115 1120 1125
 Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala
 1130 1135 1140
 Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu

1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Ala		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr		
1220	1225	1230
Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile		
1235	1240	1245
Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp		
1250	1255	1260
Asp Ile Leu Gln Leu Ile Asn Asp Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu		
1265	1270	1275
Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn		
1280	1285	1290
Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn		
1295	1300	1305
Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe		
1310	1315	1320
Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu		
1325	1330	1335
Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr		
1340	1345	1350
Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp		
1355	1360	1365
<210> 107		
<211> 1365		

<212> PRT

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 107

Met Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Gly Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Ile Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Lys Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Asp Tyr

115 120 125

His Glu Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp

130 135 140

Lys Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Asp Asp Arg Phe Asp

165 170 175

Val Arg Asn Thr Asp Ile Gln Lys Gln Tyr Gln Ala Phe Leu Glu Ile

180 185 190

Phe Asp Thr Thr Phe Glu Asn Asn His Leu Leu Ser Gln Asn Val Asp

195 200 205

Val Glu Ala Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp

210 215 220

Arg Ile Leu Ala Gln Tyr Pro Asp Gln Lys Ser Thr Gly Ile Phe Ala
 225 230 235 240
 Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His
 245 250 255
 Phe Asn Leu Glu Asp Lys Thr Pro Leu Gln Phe Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Asp Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Glu Phe Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Ser Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Val Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asp Glu His Arg Glu Asp Leu Lys Gln Leu
 325 330 335
 Lys Gln Phe Val Lys Ala Ser Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ala Asp Ser Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr
 355 360 365
 Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Ser Lys Leu Leu Thr Lys Gln
 370 375 380
 Glu Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Ile Lys Asn Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His
 405 410 415
 Leu Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Leu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Glu Lys Ser Asp Phe Ala
 450 455 460
 Trp Met Thr Arg Lys Thr Asp Asp Ser Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu

465 470 475 480
 Glu Leu Val Asp Lys Glu Ala Ser Ala Glu Ala Phe Ile His Cys Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Lys Asn Glu Gln Gly Glu Thr Tyr Phe Phe Asp Ser Asn Ile

 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Glu Tyr Arg Lys Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Lys Gln Leu Leu Asp Phe Leu Ala Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Val Asp Val Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Glu Lys Ile Leu Gly Lys Asp Phe

 595 600 605
 Leu Asp Asn Pro Asp Asn Glu Ser Ile Leu Glu Asp Ile Val Gln Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Lys Arg Leu Asp Ile
 625 630 635 640
 Tyr Lys Asp Phe Phe Thr Glu Ser Gln Leu Lys Lys Leu Tyr Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile

 660 665 670
 Arg Asn Lys Glu Asn Gln Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Lys Asp Ala Gly Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Ser Ile Ile Ser Lys Ala Gln Ser Gly Ser His Ser Asp
 705 710 715 720

Asn Leu Lys Glu Val Val Ser Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys

725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740 745 750

Met Gly Tyr Lys Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn

755 760 765

Gln Thr Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Arg Gln Arg Tyr Lys Leu

770 775 780

Leu Asp Asp Gly Val Arg Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Tyr

785 790 795 800

Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Glu Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr

805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Glu Lys Ala Leu Asp Ile Asp

820 825 830

Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile

835 840 845

Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ala Lys Asn

850 855 860

Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Lys Asp Cys

865 870 875 880

Lys Val Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Lys Leu Met Ser Gln Arg

885 890 895

Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Ser Asp

900 905 910

Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

915 920 925

Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Asn Glu Leu

930 935 940

Asp Ser Lys Gly Arg Arg Ile Arg Lys Val Lys Ile Val Thr Leu Lys

945 950 955 960

Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile

965	970	975
Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
980	985	990
Val Val Ala Lys Ala Ile Leu Thr Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu		
995	1000	1005
Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Thr Arg		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Leu Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Lys Val Thr Leu Ala Asp Gly Thr Val Val Val Lys		
1040	1045	1050
Asp Asp Ile Glu Val Asn Asn Asp Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065
Lys Lys Lys His Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro		
1070	1075	1080
Gln Asn Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Ala His Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Tyr Leu Asp Pro Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Lys Lys Gly Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Thr Glu		
1145	1150	1155
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ser Ala Phe Leu Glu Ser Lys Gly Tyr Leu Asn Ile Arg Thr		
1175	1180	1185
Asp Lys Leu Ile Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200

Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys

1205 1210 1215

Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Thr Gln Phe Met Lys Phe Leu Tyr

1220 1225 1230

Leu Ala Ser Arg Tyr Asn Glu Ser Lys Gly Lys Pro Glu Glu Ile

1235 1240 1245

Glu Lys Lys Gln Glu Phe Val Asn Gln His Val Ser Tyr Phe Asp

1250 1255 1260

Asp Ile Leu Gln Ile Ile Asn Asp Phe Ser Asn Arg Val Ile Leu

1265 1270 1275

Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Asn Lys Leu Tyr Gln Asp Asn

1280 1285 1290

Lys Glu Asn Ile Ser Val Asp Glu Leu Ala Asn Asn Ile Ile Asn

1295 1300 1305

Leu Phe Thr Phe Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe

1310 1315 1320

Phe Asp Lys Ile Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu

1325 1330 1335

Val Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr

1340 1345 1350

Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360 1365

<210> 108

<211> 1351

<212> PRT

<213> Streptococcus anginosus

<400> 108

Met Asn Gln Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Met Gln Val Asp Glu Ser
 85 90 95

 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Asp Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Ala Ala Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Asp Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ile Ser Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asn Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Val Tyr
 180 185 190
 Asp Lys Thr Val Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala
 195 200 205
 Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220

 Leu Ile Ala His Tyr Pro Ala Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Phe Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Gly Leu Leu Gly Glu Val Gly Asp Glu Tyr Ala Asp

275 280 285
 Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Phe Glu
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Leu Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys
 340 345 350

 Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Ser Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Gln Ile Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415

 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480

 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525

Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
565 570 575

Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ser Ser
580 585 590

Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asn Lys Ser Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Lys Glu Asn Ala Gln Ile Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
625 630 635 640

Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Ile Ile Gly Asp Val Asp Asp
705 710 715 720

Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
740 745 750

Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Thr Thr Asp Arg Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu

770 775 780
Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
785 790 795 800

Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
805 810 815
Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp
820 825 830
Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Tyr Ile Lys Asp Asp Ser Phe Asp
835 840 845
Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ser Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn
850 855 860

Val Pro Ser Ile Glu Val Val Cys Ala Arg Lys Ala Asp Trp Met Arg
865 870 875 880
Leu Arg Lys Ala Gly Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
885 890 895
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Asn Asp Lys Ala Gly Phe Ile
900 905 910
Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
915 920 925

Val Leu Asp Ala Arg Phe Asn Ala Lys His Asp Glu Asn Lys Lys Val
930 935 940
Ile Arg Asp Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln
945 950 955 960
Phe Arg Lys Asp Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr
965 970 975
His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Ile Gly Thr Ala Leu
980 985 990

Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val Tyr Gly Glu Phe
995 1000 1005
Lys Lys Tyr Asp Val Ser Asp Lys Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala
1010 1015 1020

Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Leu Met Asn Phe Phe	Lys Lys Glu
1025	1030	1035	
Val Lys	Phe Ala Asp Gly Thr	Val Val Glu Arg Pro	Asp Ile Glu
1040	1045	1050	
Thr Ser	Glu Asp Gly Glu Ile	Ala Trp Asn Lys Gln	Thr Asp Phe
1055	1060	1065	
Lys Ile	Val Arg Lys Val Leu	Ser Tyr Pro Gln Val	Asn Ile Val
1070	1075	1080	
Lys Lys	Thr Glu Val Gln Thr	His Gly Leu Asp Arg	Pro Ser Pro
1085	1090	1095	
Lys Pro	Lys Pro Asp Ser Ser	Glu Asn Leu Val Gly	Val Lys Arg
1100	1105	1110	
Asn Leu	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Tyr Ala Gly	Ile Ser Asn
1115	1120	1125	
Ser Tyr	Ala Val Leu Val Lys	Ala Ile Ile Glu Lys	Gly Val Lys
1130	1135	1140	
Lys Lys	Glu Thr Met Val Leu	Glu Phe Gln Gly Ile	Ser Ile Leu
1145	1150	1155	
Asp Arg	Ile Thr Phe Glu Lys	Asp Lys Arg Ala Phe	Leu Leu Gly
1160	1165	1170	
Lys Gly	Tyr Lys Asp Ile Lys	Lys Ile Ile Glu Leu	Pro Lys Tyr
1175	1180	1185	
Ser Leu	Phe Glu Leu Lys Asp	Gly Ser Arg Arg Met	Leu Ala Ser
1190	1195	1200	
Arg Gly	Glu Ile His Lys Gly	Asn Glu Leu Phe Val	Pro Gln Lys
1205	1210	1215	
Phe Thr	Thr Leu Leu Tyr His	Ala Lys Arg Ile Asn	Asn Pro Ile
1220	1225	1230	
Asn Lys	Asp His Ile Glu Tyr	Val Lys Lys His Arg	Asp Asp Phe
1235	1240	1245	
Lys Glu	Leu Leu Asn Tyr Val	Leu Glu Phe Asn Glu	Lys Tyr Val

1250 1255 1260
 Gly Ala Thr Lys Asn Gly Glu Arg Leu Lys Glu Ala Val Ala Asp
 1265 1270 1275
 Phe Asp Ser Lys Ser Asn Glu Glu Ile Cys Thr Ser Phe Leu Gly
 1280 1285 1290

 Leu Phe Glu Leu Thr Ser Leu Gly Ser Ala Ser Asp Phe Glu Phe
 1295 1300 1305
 Leu Gly Val Lys Ile Pro Arg Tyr Arg Asp Tyr Thr Pro Ser Ser
 1310 1315 1320
 Leu Leu Lys Asp Ser Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu
 1325 1330 1335
 Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1340 1345 1350

 <210>
 109
 <211> 1341
 <212> PRT
 <213> Streptococcus anginosus
 <400> 109

 Met Lys Lys Glu Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Thr Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Gln
 100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Lys Glu Glu Lys Glu Tyr

115 120 125

His Lys Lys Phe Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Ala Asn

130 135 140

Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Gly Asp Leu Lys Ala

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Glu Tyr

180 185 190

Asp Lys Thr Ile Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205

Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Ser Arg Leu Glu Asn

210 215 220

Leu Ile Ala His Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn

225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

245 250 255

Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp

275 280 285

Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Ala Val Asp Asp Asn Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys

325 330 335

Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys

340 345 350

Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Ser Gly Val Glu

355 360 365
Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Lys Ile Asn

370 375 380
Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Cys Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415

Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
450 455 460

Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
465 470 475 480

Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
485 490 495

Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510
Pro Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Thr Asn Met Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile

565 570 575
Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ser Ser
580 585 590

Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
595 600 605

Asp Asp Lys Ala Asn Glu Lys Thr Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr

 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Arg Ala Gln Ile Ile Gly Asp Val Asp Asp
 705 710 715 720
 Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

 755 760 765
 Thr Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu
 770 775 780
 Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
 785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp

 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp

850	855	860	
Val Pro Ser Ile Glu Val Val His Glu Met Lys Ser Phe Trp Ser Lys			
865	870	875	880
Leu Leu Ser Val Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr			
	885	890	895
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile			
	900	905	910
Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln			
	915	920	925
Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Gly Ala Gln Arg Arg			
	930	935	940
Ile Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn			
945	950	955	960
Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr			
	965	970	975
His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Asn Ala Leu			
	980	985	990
Leu Leu Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr			
	995	1000	1005
Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Ser Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys			
1010	1015	1020	
Phe Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Arg Phe Phe Lys Lys Glu Asp			
	1025	1030	1035
Ile Gln Thr Asn Glu Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Glu Lys			
	1040	1045	1050
His Ile Lys Ile Leu Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn			
	1055	1060	1065
Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu			
1070	1075	1080	
Ser Ile Leu Pro Lys Gly Glu Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys			
	1085	1090	1095

Thr	Lys	Asn	Ser	Tyr	Trp	Asn	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp
1100						1105					1110			
Ser	Pro	Val	Val	Ala	Tyr	Ser	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Asp	Val	Glu
1115						1120					1125			
Lys	Gly	Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Arg	Lys	Val	Gln	Asp	Met	Val	Gly
1130						1135					1140			
Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Lys	Arg	Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Val	Asp
1145						1150					1155			
Phe	Leu	Glu	Gln	Arg	Gly	Tyr	Arg	Asn	Val	Arg	Leu	Glu	Lys	Ile
1160						1165					1170			
Ile	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Lys	Arg
1175						1180					1185			
Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Glu	Leu	Gln	Lys	Gly	Asn	Glu
1190						1195					1200			
Leu	Val	Ile	Pro	Gln	Arg	Phe	Thr	Thr	Leu	Leu	Tyr	His	Ser	Tyr
1205						1210					1215			
Gln	Ile	Glu	Lys	Asn	Tyr	Glu	Pro	Glu	His	Arg	Glu	Tyr	Val	Glu
1220						1225					1230			
Lys	His	Lys	Asp	Glu	Phe	Lys	Glu	Leu	Leu	Glu	Tyr	Ile	Ser	Val
1235						1240					1245			
Phe	Ser	Arg	Lys	Tyr	Val	Leu	Ala	Asp	Asn	Asn	Leu	Thr	Lys	Ile
1250						1255					1260			
Glu	Met	Leu	Phe	Ser	Lys	Asn	Lys	Asp	Ala	Glu	Val	Ser	Ser	Leu
1265						1270					1275			
Ala	Lys	Ser	Phe	Ile	Ser	Leu	Leu	Thr	Phe	Thr	Ala	Phe	Gly	Ala
1280						1285					1290			
Pro	Ala	Ala	Phe	Asn	Phe	Phe	Gly	Glu	Asn	Ile	Asp	Arg	Lys	Arg
1295						1300					1305			
Tyr	Thr	Ser	Val	Thr	Glu	Cys	Leu	Asn	Ala	Thr	Leu	Ile	His	Gln
1310						1315					1320			
Ser	Ile	Thr	Gly	Leu	Tyr	Glu	Thr	Arg	Ile	Asp	Leu	Ser	Lys	Leu

1325 1330 1335
 Gly Glu Asp
 1340
 <210> 110
 <211> 1341
 <212> PRT
 <213> Streptococcus anginosus
 <400> 110
 Met Lys Lys Glu Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Met Gln Val Asp Glu Ser

 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Arg Tyr Pro Ile Phe Gly Asn Ile Ala Ala Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Asp Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Val Asp
 130 135 140
 Ile Ser Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asn Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Val Tyr
 180 185 190

Asp Lys Thr Val Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Met Thr Val Asp Ala
 195 200 205
 Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Leu Val Glu Cys Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Gly Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Ala Val Asp Asp Asn Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Ala Gln Tyr Asp Asp Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Asp
 370 375 380
 Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp

 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Pro Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Thr Asn Met Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu

 595 600 605
 Asp Asp Lys Val Asn Glu Lys Ile Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Thr Gln Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg

 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685

Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Arg Ala Gln Ile Ile Gly Asp Val Asp Asp
 705 710 715 720
 Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu
 770 775 780
 Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
 785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp
 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp
 850 855 860
 Val Pro Ser Ile Glu Val Val His Glu Met Lys Ser Phe Trp Ser Lys
 865 870 875 880
 Leu Leu Ser Val Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 885 890 895
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile
 900 905 910
 Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Gly Ala Gln Arg Arg

930	935	940	
Ile Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn			
945	950	955	960
Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr			
	965	970	975
His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Asn Ala Leu			
	980	985	990
Leu Leu Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr			
	995	1000	1005
Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Ser Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys			
	1010	1015	1020
Phe Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Arg Phe Phe Lys Lys Glu Asp			
	1025	1030	1035
Ile Gln Thr Asn Glu Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Glu Lys			
	1040	1045	1050
His Ile Lys Ile Leu Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn			
	1055	1060	1065
Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu			
	1070	1075	1080
Ser Ile Leu Pro Lys Gly Glu Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys			
	1085	1090	1095
Thr Lys Asn Ser Tyr Trp Asn Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp			
	1100	1105	1110
Ser Pro Val Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Phe Ala Asp Val Glu			
	1115	1120	1125
Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Arg Lys Val Gln Asp Met Val Gly			
	1130	1135	1140
Ile Thr Ile Met Glu Lys Lys Arg Phe Glu Lys His Pro Val Asp			
	1145	1150	1155
Phe Leu Glu Gln Arg Gly Tyr Arg Asn Val Arg Leu Glu Lys Ile			
	1160	1165	1170

Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Lys Arg
1175 1180 1185

Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu
1190 1195 1200

Leu Val Ile Pro Gln Arg Phe Thr Thr Leu Leu Tyr His Ser Tyr
1205 1210 1215

Arg Ile Glu Lys Asp Tyr Glu Pro Glu His Arg Glu Tyr Val Glu
1220 1225 1230

Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Glu Tyr Ile Ser Val
1235 1240 1245

Phe Ser Arg Lys Tyr Val Leu Ala Asp Asn Asn Leu Thr Lys Ile
1250 1255 1260

Glu Met Leu Phe Ser Lys Asn Lys Asp Ala Glu Val Ser Ser Leu
1265 1270 1275

Ala Lys Ser Phe Ile Ser Leu Leu Thr Phe Thr Ala Phe Gly Ala
1280 1285 1290

Pro Ala Ala Phe Asn Phe Phe Gly Glu Asn Ile Asp Arg Lys Arg
1295 1300 1305

Tyr Thr Ser Val Thr Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln
1310 1315 1320

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu
1325 1330 1335

Gly Glu Asp
1340

<210> 111

<211> 1341

<212> PRT

<213> Streptococcus anginosus

<400> 111

Met Lys Lys Glu Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Thr Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Gln
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Lys Glu Glu Lys Glu Tyr

 115 120 125
 His Lys Lys Phe Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Ala Asn
 130 135 140
 Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Gly Asp Leu Lys Ala
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asp Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Glu Tyr

 180 185 190
 Asp Lys Thr Ile Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala
 195 200 205
 Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Ser Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Leu Ile Ala His Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Ala Val Asp Asp Asn Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

 305 310 315 320
 Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Ser Gly Val Glu
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Lys Ile Asn

 370 375 380
 Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Cys Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Pro Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Thr Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile

 565 570 575
 Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ser Ser
 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asp Lys Ala Asn Glu Lys Thr Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr

 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Arg Ala Gln Ile Ile Gly Asp Val Asp Asp
 705 710 715 720
 Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

 755 760 765

Thr Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu
 770 775 780
 Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
 785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp
 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp
 850 855 860
 Val Pro Ser Ile Glu Val Val His Glu Met Lys Ser Phe Trp Ser Lys
 865 870 875 880
 Leu Leu Ser Val Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 885 890 895
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile
 900 905 910
 Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Gly Ala Gln Arg Arg
 930 935 940
 Ile Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn
 945 950 955 960
 Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr
 965 970 975
 His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Asn Ala Leu
 980 985 990
 Leu Leu Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr
 995 1000 1005
 Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Ser Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys

1010	1015	1020
Phe Leu Phe Tyr Ser Asn Ile	Leu Arg Phe Phe Lys	Lys Glu Asp
1025	1030	1035
Ile Gln Thr Asn Glu Asp Gly	Glu Ile Ala Trp Asn	Lys Glu Lys
1040	1045	1050
His Ile Lys Ile Leu Arg Lys	Val Leu Ser Tyr Pro	Gln Val Asn
1055	1060	1065
Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu

1070	1075	1080
Ser Ile Leu Pro Lys Gly Glu	Ser Asp Lys Leu Ile	Pro Arg Lys
1085	1090	1095
Thr Lys Asn Ser Tyr Trp Asn	Pro Lys Lys Tyr Gly	Gly Phe Asp
1100	1105	1110
Ser Pro Val Val Ala Tyr Ser	Ile Leu Val Phe Ala	Asp Val Glu
1115	1120	1125
Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu	Arg Lys Val Gln Asp	Met Val Gly

1130	1135	1140
Ile Thr Ile Met Glu Lys Lys	Arg Phe Glu Lys Asn	Pro Val Asp
1145	1150	1155
Phe Leu Glu Gln Arg Gly Tyr	Arg Asn Val Arg Leu	Glu Lys Ile
1160	1165	1170
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Leu Glu	Asn Lys Arg
1175	1180	1185
Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala	Arg Glu Leu Gln Lys	Gly Asn Glu

1190	1195	1200
Leu Val Ile Pro Gln Arg Phe	Thr Thr Leu Leu Tyr	His Ser Tyr
1205	1210	1215
Gln Ile Glu Lys Asn Tyr Glu	Pro Glu His Arg Glu	Tyr Val Glu
1220	1225	1230
Lys His Lys Asp Glu Phe Lys	Glu Leu Leu Glu Tyr	Ile Ser Val
1235	1240	1245

Phe Ser Arg Lys Tyr Val Leu Ala Asp Asn Asn Leu Thr Lys Ile

1250 1255 1260

Glu Met Leu Phe Ser Lys Asn Lys Asp Ala Glu Val Ser Ser Leu

1265 1270 1275

Ala Lys Ser Phe Ile Ser Leu Leu Thr Phe Thr Ala Phe Gly Ala

1280 1285 1290

Pro Ala Ala Phe Asn Phe Phe Gly Glu Asn Ile Asp Arg Lys Arg

1295 1300 1305

Tyr Thr Ser Val Thr Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln

1310 1315 1320

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu

1325 1330 1335

Gly Glu Asp

1340

<210> 112

<211> 1360

<212> PRT

<213> Streptococcus caballi

<400> 112

Met Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser

1 5 10 15

Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys

20 25 30

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu

35 40 45

Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg

50 55 60

Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu

65 70 75 80

Arg Tyr Leu Gln Asp Ile Phe Thr Glu Glu Met Ala Lys Val Asp Asp

85 90 95

Ser Phe Phe Gln Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asn Asp Lys
 100 105 110
 Asn Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala
 115 120 125
 Tyr His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala
 130 135 140
 Asp Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala
 145 150 155 160

 His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn
 165 170 175
 Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Thr Asp Phe Val Gly Val
 180 185 190
 Tyr Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp
 195 200 205
 Ala Ala Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu
 210 215 220

 Asn Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Asn Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn
 245 250 255
 Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala
 275 280 285

 Asp Leu Phe Thr Ser Ser Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu
 325 330 335
 Lys Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Ser Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe

340	345	350
Lys Asp Lys Thr Gln Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val		
355	360	365
Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Thr Lys Ile		
370	375	380
Asn Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His		
405	410	415
Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro		
420	425	430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Glu Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg		
435	440	445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asp Ser Arg Phe Ala		
450	455	460
Trp Ala Glu Tyr Arg Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp		
465	470	475
Lys Val Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met		
485	490	495
Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His		
500	505	510
Ser His Val Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val		
515	520	525
Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Asp Ser Phe Phe Asp Ser Asn Met		
530	535	540
Lys Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr		
545	550	555
Lys Glu Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asp Lys Glu Phe Pro Glu Tyr Arg		
565	570	575
Ile Gln Asp Leu Val Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe Asn Ala		
580	585	590

Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe
595 600 605

Leu Asp Asp Lys Val Asn Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Ile Lys Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Gln Gln Arg Leu Gln Lys
625 630 635 640

Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Lys Gln Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu
690 695 700

Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gln Glu Ala Gln Val Val Gly Asp Val Asp
705 710 715 720

Asp Ile Glu Thr Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Ile Lys Val
740 745 750

Met Gly Asp Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765

Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Ser Gln Ser Gln Gln Arg Leu Lys Lys
770 775 780

Leu Gln Asn Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Asp Lys Val Glu Asn
785 790 795 800

Ser His Leu Gln Asn Asp Gln Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly
805 810 815

Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu Ser Asp
820 825 830

Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser

835 840 845
 Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser
 850 855 860

Asp Asp Val Pro Ser Leu Gly Ile Val Arg Ala Arg Lys Ala Glu Trp
 865 870 875 880
 Val Arg Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925

Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu Arg Asp Glu Asn Asp
 930 935 940
 Lys Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Gln Phe Arg Lys Glu Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990

Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Glu Tyr Lys Lys Tyr Asp Val Ser Ser Asp Asp His Ser Glu Met
 1010 1015 1020
 Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn
 1025 1030 1035
 Phe Phe Lys Arg Val Ile Arg Tyr Ser Asn Gly Lys Val Ile Val
 1040 1045 1050

Arg Pro Val Val Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp
 1055 1060 1065
 Asn Lys Arg Thr Asp Phe Glu Lys Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr
 1070 1075 1080

Pro Gln	Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Thr Gln	Thr Gly Gly
1085	1090	1095	
Phe Ser	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asp Ser	Asp Lys Leu
1100	1105	1110	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Lys	Val Leu Trp Glu Pro	Lys Lys Tyr
1115	1120	1125	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val
1130	1135	1140	
Ala Asp	Val Glu Lys Gly Lys	Thr Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1145	1150	1155	
Glu Leu	Val Gly Ile Ser Ile	Met Glu Arg Ser Phe	Phe Glu Lys
1160	1165	1170	
Asn Pro	Val Glu Phe Leu Lys	Asn Lys Gly Tyr Gln	Asn Val Gln
1175	1180	1185	
Glu Asp	Lys Leu Met Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Phe
1190	1195	1200	
Glu Gly	Gly Arg Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Thr	Glu Leu Gln
1205	1210	1215	
Lys Gly	Asn Glu Ile Met Leu	Ser Ala His Leu Val	Ala Leu Leu
1220	1225	1230	
Tyr His	Ala His Arg Ile Gly	Asn Phe Asn Ser Ala	Glu His Leu
1235	1240	1245	
Lys Tyr	Val Ser Glu His Lys	Lys Glu Phe Glu Glu	Val Leu Ser
1250	1255	1260	
Cys Val	Glu Asn Phe Ala Asn	Val Tyr Val Asp Val	Glu Lys Asn
1265	1270	1275	
Leu Ser	Lys Ile Arg Ala Ala	Ala Asp Ser Met Asp	Asn Phe Ser
1280	1285	1290	
Ile Glu	Glu Ile Ser Asp Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Leu Thr
1295	1300	1305	
Ala Leu	Gly Ala Pro Ala Asp	Phe Asn Phe Leu Gly	Glu Lys Ile

1310 1315 1320
 Pro Arg Lys Arg Tyr Asn Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ala Thr
 1325 1330 1335
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1340 1345 1350

 Leu Ser Lys Leu Gly Glu Glu
 1355 1360
 <210> 113
 <211> 1355
 <212> PRT
 <213> Streptococcus canis
 <400> 113
 Met Glu Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asn Arg Lys Ser Ile Lys Lys Asn Leu Met
 35 40 45

 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Asn Glu Met Ala Lys Leu Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110

 Asn Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Ala Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Arg Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Pro Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Asn Ala
165 170 175

Glu Asn Ser Asp Val Ala Lys Leu Phe Tyr Gln Leu Ile Gln Thr Tyr
180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Ser Leu Asp Glu Ile Glu Val Asp Ala Lys
195 200 205

Gly Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Lys Arg Leu Glu Lys Leu
210 215 220

Ile Ala Val Phe Pro Asn Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Ile
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Thr Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Glu Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Ser Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Ser Asn Ser Glu Val Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Val Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Thr
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Phe Pro Glu Lys Tyr Ala Glu Ile Phe Lys Asp
340 345 350

Asp Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Val Gly Ile Gly Ala Thr Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Ala Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Asp Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Lys

405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Glu Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

Lys Glu Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Leu
 450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Ala Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Glu Gln Leu Pro Asn Lys Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525

Val Thr Glu Arg Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575

Val Glu Ile Ile Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Met Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ser Asn
 675 680 685

 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Glu Ile Glu Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 Gln Ile Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
 740 745 750

 Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Thr
 755 760 765
 Lys Gly Leu Gln Gln Ser Arg Glu Arg Lys Lys Arg Ile Glu Glu Gly
 770 775 780
 Ile Lys Glu Leu Glu Ser Gln Ile Leu Lys Glu Asn Pro Val Glu Asn
 785 790 795 800
 Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815

 Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
 820 825 830
 Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Val Glu Asn Arg Gly Lys Ser
 850 855 860
 Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
 865 870 875 880

 Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Ala Asp Lys Ala Gly

900	905	910
Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
915	920	925
Ala Arg Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Arg Asp Lys Asn Asp		
930	935	940
Lys Pro Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val		
945	950	955
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Asp Ile Asn		
965	970	975
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr		
980	985	990
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly		
995	1000	1005
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1010	1015	1020
Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1025	1030	1035
Thr Glu Val Lys Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1040	1045	1050
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Val Val Trp Asn Lys Glu		
1055	1060	1065
Lys Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ala Met Pro Gln Val		
1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1085	1090	1095
Glu Ser Ile Leu Ser Lys Arg Glu Ser Ala Lys Leu Ile Pro Arg		
1100	1105	1110
Lys Lys Gly Trp Asp Thr Arg Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Ser Pro		
1115	1120	1125
Thr Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1130	1135	1140

Lys Ala	Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Val Leu Val	Gly Ile Thr
1145	1150	1155	
Ile Met	Glu Lys Gly Ser Tyr	Glu Lys Asp Pro Ile	Gly Phe Leu
1160	1165	1170	
Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys Asp	Ile Lys Lys Glu Leu	Ile Phe Lys
1175	1180	1185	
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Arg Arg
1190	1195	1200	
Met Leu	Ala Ser Glu Leu Gln	Lys Ala Asn Glu Leu	Val Leu Pro
1205	1210	1215	
Gln His	Leu Val Arg Leu Leu	Tyr Tyr Thr Gln Asn	Ile Ser Ala
1220	1225	1230	
Thr Thr	Gly Ser Asn Asn Leu	Gly Tyr Ile Glu Gln	His Arg Glu
1235	1240	1245	
Glu Phe	Lys Glu Ile Phe Glu	Lys Ile Ile Asp Phe	Ser Glu Lys
1250	1255	1260	
Tyr Ile	Leu Lys Asn Lys Val	Asn Ser Asn Leu Lys	Ser Ser Phe
1265	1270	1275	
Asp Glu	Gln Phe Ala Val Ser	Asp Ser Ile Leu Leu	Ser Asn Ser
1280	1285	1290	
Phe Val	Ser Leu Leu Lys Tyr	Thr Ser Phe Gly Ala	Ser Gly Gly
1295	1300	1305	
Phe Thr	Phe Leu Asp Leu Asp	Val Lys Gln Gly Arg	Leu Arg Tyr
1310	1315	1320	
Gln Thr	Val Thr Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	Tyr Gln Ser
1325	1330	1335	
Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Thr Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1340	1345	1350	
Gly Asp			
1355			
<210>	114		
<211>	1341		

<212> PRT

<213> Streptococcus constellatus

<400> 114

Met Gly Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Thr Gly Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn

85 90 95
Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Asp Glu Asp Lys Arg

100 105 110
Gly Glu His His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Ala Ala Glu Val Lys Tyr

115 120 125
His Asp Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Arg His Leu Ala Asp

130 135 140
Thr Ser Lys Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Gly Asp Leu Lys Ala

165 170 175
Glu Asn Thr Asp Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Glu Tyr

180 185 190
Asp Lys Thr Ile Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205
Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Ser Arg Leu Glu Asn

210 215 220

Leu Ile Ala His Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Asp Leu His Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Gly Phe Leu Gly Glu Val Gly Asp Glu Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Ser Tyr Ile Glu Ser Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Lys Ile Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp

465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Pro Leu Tyr Glu Ala Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Thr Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ser Ser

 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asp Lys Ala Asn Glu Lys Thr Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Arg Ala Gln Ile Ile Asp Asp Val Asp Asp

 705 710 715 720

Ile Ala Asn Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Ile Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu
 770 775 780
 Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
 785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp
 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp
 850 855 860
 Val Pro Ser Ile Glu Val Val His Glu Met Lys Ser Phe Trp Ser Lys
 865 870 875 880
 Leu Leu Ser Val Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 885 890 895
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile
 900 905 910
 Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Gly Asn Lys Arg Arg
 930 935 940
 Ile Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn
 945 950 955 960
 Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr

965	970	975
His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Asn Ala Leu		
980	985	990
Leu Leu Lys Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr		
995	1000	1005
Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Ser Arg Lys Ser Ala Thr Glu Lys		
1010	1015	1020
Phe Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Arg Phe Phe Lys Lys Glu Asp		
1025	1030	1035
Ile Gln Thr Asn Glu Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Glu Lys		
1040	1045	1050
His Ile Lys Ile Leu Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn		
1055	1060	1065
Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu		
1070	1075	1080
Ser Ile Leu Pro Lys Gly Glu Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys		
1085	1090	1095
Thr Lys Asn Ser Tyr Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp		
1100	1105	1110
Ser Pro Val Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Phe Ala Asp Val Glu		
1115	1120	1125
Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Arg Lys Val Gln Asp Met Val Gly		
1130	1135	1140
Ile Thr Ile Met Glu Lys Lys Arg Phe Glu Lys Asn Pro Val Asp		
1145	1150	1155
Phe Leu Glu Gln Arg Gly Tyr Arg Asn Val Arg Leu Glu Lys Ile		
1160	1165	1170
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Lys Arg		
1175	1180	1185
Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu		
1190	1195	1200

Leu Val Ile Pro Gln Arg Phe Thr Thr Leu Leu Tyr His Ser Tyr

1205 1210 1215

Arg Ile Glu Lys Asp Tyr Glu Pro Glu His Arg Glu Tyr Val Glu

1220 1225 1230

Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Glu Tyr Ile Ser Val

1235 1240 1245

Phe Ser Arg Lys Tyr Val Leu Ala Asp Asn Asn Leu Thr Lys Ile

1250 1255 1260

Glu Met Leu Phe Ser Lys Asn Lys Asp Ala Glu Val Ser Ser Leu

1265 1270 1275

Ala Lys Ser Phe Ile Ser Leu Leu Thr Phe Thr Ala Phe Gly Ala

1280 1285 1290

Pro Ala Ala Phe Asn Phe Phe Gly Glu Asn Ile Asp Arg Lys Arg

1295 1300 1305

Tyr Thr Ser Val Thr Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln

1310 1315 1320

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu

1325 1330 1335

Gly Glu Asp

1340

<210> 115

<211> 1355

<212> PRT

<213> Streptococcus constellatus

<400> 115

Met Thr Gln Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Ile Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Ile Leu Gly Asn Thr Asn Lys Gln Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Lys Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ile Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Lys Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125
 Tyr Lys Glu Phe Glu Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Arg Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Gly Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asp Val Gln Thr Leu Phe Asn Asp Phe Val Glu Val Tyr
 180 185 190
 Asp Lys Thr Ile Glu Glu Ser His Leu Ala Glu Ile Thr Val Asp Ala
 195 200 205
 Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Leu Val Lys Cys Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Thr Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
 Ile Leu Ala Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Leu Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
 325 330 335
 Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Ala Gln Tyr Asp Asp Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys

 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Asp
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Val Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr

 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Ile Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Pro Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asp Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu

595 600 605

Asp Asp Lys Ala Asn Glu Lys Thr Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Glu Tyr Leu Val Asp Asp Gly

675 680 685

Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Pro

690 695 700

Phe Lys Gln Ile Ile Lys Asp Ala Gln Ala Ile Asp Asp Val Asp Asp

705 710 715 720

Ile Glu Leu Ile Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met

740 745 750

Gly Tyr Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Thr Thr Thr Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu

770 775 780

Gln Asp Ser Leu Thr Pro Val Ser Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln

785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp

 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile His His Leu Ser Asp Tyr Asp
 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser Ile Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn
 850 855 860
 Val Pro Asn Leu Glu Val Val Cys Asp Arg Lys Ala Asp Trp Ile Arg

 865 870 875 880
 Leu Arg Glu Ala Gly Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 885 890 895
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Asn Asp Lys Ala Gly Phe Ile
 900 905 910
 His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Pro Lys Arg Asp Asp Asn Lys Lys Val

 930 935 940
 Ile Arg Asp Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln
 945 950 955 960
 Phe Arg Arg Asp Phe Lys Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr
 965 970 975
 His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu
 980 985 990
 Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Thr Ser Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr

 995 1000 1005
 Lys Lys Tyr Asp Val Ser Asp Asn Asp Glu Ile Gly Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Thr
 1025 1030 1035

Glu Val	Lys Phe Ala Asp Gly	Thr Val Val Glu Arg	Pro Asp Ile
1040	1045	1050	
Glu Thr	Ser Glu Asp Gly Glu	Ile Ala Trp Asn Lys	Gln Thr Asp
1055	1060	1065	
Phe Lys	Ile Val Arg Lys Val	Leu Ser Tyr Pro Gln	Val Asn Ile
1070	1075	1080	
Val Lys	Lys Val Glu Lys Gln	Thr Gly Arg Phe Ser	Lys Glu Ser
1085	1090	1095	
Ile Leu	Pro Lys Gly Asp Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Thr
1100	1105	1110	
Lys Glu	Asn Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125	
Pro Thr	Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Asp	Ile Lys Lys
1130	1135	1140	
Gly Lys	Ala Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys Glu Leu	Val Gly Ile
1145	1150	1155	
Ser Ile	Met Glu Arg Pro Phe	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Met Phe
1160	1165	1170	
Leu Glu	Ser Lys Gly Tyr Arg	Asn Ile Gln Lys Asp	Lys Leu Ile
1175	1180	1185	
Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Phe Glu Gly	Gly Arg Arg
1190	1195	1200	
Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Val	Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Met
1205	1210	1215	
Val Leu	Pro Gln Tyr Leu Asn	Asn Leu Leu Tyr His	Ala His Arg
1220	1225	1230	
Ile Asp	Asn Ser Asp Asn Ser	Glu His Leu Lys Tyr	Ile Thr Glu
1235	1240	1245	
His Lys	Glu Glu Phe Gly Lys	Leu Leu Ser Tyr Ile	Glu Asn Phe
1250	1255	1260	
Ala Lys	Ser Tyr Val Asp Val	Asp Lys Asn Leu Glu	Lys Ile Gln

1265 1270 1275
 Leu Ala Val Glu Lys Ile Asp Ser Phe Ser Val Lys Glu Ile Ser
 1280 1285 1290
 Asn Ser Phe Ile His Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Pro

 1295 1300 1305
 Ala Asp Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg Lys Arg Tyr
 1310 1315 1320
 Thr Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
 1325 1330 1335
 Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Gln Thr Asp Leu Ser Lys Leu Gly
 1340 1345 1350
 Glu Asp
 1355
 <210> 116
 <211> 1356
 <212>
 > PRT
 <213> Streptococcus dysgalactiae
 <400> 116
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Met Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu

225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp

260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala

325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly

370 375 380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

435				440				445							
Tyr	Tyr	Val	Gly	Pro	Leu	Ala	Arg	Gly	Asn	Ser	Arg	Phe	Ala	Trp	Met
450				455				460							
Thr	Arg	Lys	Ser	Glu	Glu	Thr	Ile	Thr	Pro	Trp	Asn	Phe	Glu	Glu	Val
465				470				475				480			
Val	Asp	Lys	Gly	Ala	Ser	Ala	Gln	Ser	Phe	Ile	Glu	Arg	Met	Thr	Asn
485				490				495							
Phe	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asn	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Lys	His	Ser	Leu

500				505				510							
Leu	Tyr	Glu	Tyr	Phe	Thr	Val	Tyr	Asn	Glu	Leu	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr
515				520				525							
Val	Thr	Glu	Gly	Met	Arg	Lys	Pro	Glu	Phe	Leu	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys
530				535				540							
Glu	Ala	Ile	Val	Asp	Leu	Leu	Phe	Lys	Thr	Asn	Arg	Lys	Val	Thr	Val
545				550				555				560			
Lys	Gln	Leu	Lys	Glu	Asp	Tyr	Phe	Lys	Lys	Ile	Glu	Cys	Phe	Asp	Ser

565 570 575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn

 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

 690 695 700
 Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
 740 745 750
 Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln

 755 760 765
 Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
 770 775 780
 Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
 785 790 795 800
 Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp

 820 825 830
 Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Ile Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser

850 855 860
 Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
 865 870 875 880
 Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn

 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp
 930 935 940
 Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val

 945 950 955 960
 Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Thr Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala

 1010 1015 1020
 Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
 1025 1030 1035
 Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu
 1040 1045 1050
 Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly
 1055 1060 1065
 Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val

 1070 1075 1080
 Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Ala Leu Thr Asn
 1085 1090 1095

Glu Ser	Ile Tyr	Ala Arg	Gly Ser	Phe Asp	Lys Leu	Ile Ser	Arg
1100			1105			1110	
Lys His	Arg Phe	Glu Ser	Ser Lys	Tyr Gly	Gly Phe	Gly Ser	Pro
1115			1120			1125	
Thr Val	Thr Tyr	Ser Val	Leu Val	Val Ala	Lys Ser	Lys Val	Gln
1130			1135			1140	
Asp Gly	Lys Val	Lys Lys	Ile Lys	Thr Gly	Lys Glu	Leu Ile	Gly
1145			1150			1155	
Met Thr	Leu Leu	Asp Lys	Leu Val	Phe Glu	Lys Asn	Pro Leu	Lys
1160			1165			1170	
Phe Ile	Glu Asp	Lys Gly	Tyr Gly	Asn Val	Gln Ile	Asp Lys	Cys
1175			1180			1185	
Ile Lys	Leu Pro	Lys Tyr	Ser Leu	Phe Glu	Phe Glu	Asn Gly	Thr
1190			1195			1200	
Arg Arg	Met Leu	Ala Ser	Arg Gly	Asp Leu	Gln Lys	Ala Asn	Glu
1205			1210			1215	
Met Phe	Leu Pro	Ala Lys	Leu Val	Thr Leu	Leu Tyr	His Ala	His
1220			1225			1230	
Lys Ile	Glu Ser	Ser Lys	Glu Leu	Glu His	Glu Ala	Tyr Ile	Leu
1235			1240			1245	
Asp His	Tyr Asn	Asp Leu	Tyr Gln	Leu Leu	Ser Tyr	Ile Glu	Arg
1250			1255			1260	
Phe Ala	Ser Leu	Tyr Val	Asp Val	Glu Lys	Asn Ile	Ser Lys	Val
1265			1270			1275	
Lys Glu	Leu Phe	Ser Asn	Ile Glu	Ser Tyr	Ser Ile	Ser Glu	Ile
1280			1285			1290	
Cys Ser	Ser Val	Ile Asn	Leu Leu	Thr Leu	Thr Ala	Ser Gly	Ala
1295			1300			1305	
Pro Ala	Asp Phe	Lys Phe	Leu Gly	Thr Thr	Ile Pro	Arg Lys	Arg
1310			1315			1320	
Tyr Gly	Ser Pro	Gln Ser	Ile Leu	Ser Ser	Thr Leu	Ile His	Gln

1325 1330 1335
Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu

1340 1345 1350
Gly Gly Asp

1355
<210> 117
<211> 1356
<212> PRT
<213> Streptococcus dysgalactiae
<400> 117

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Lys Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Lys Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asn Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Gly Lys Gln Lys
 530 535 540
 Glu Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
705 710 715 720

Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
740 745 750

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln
755 760 765

Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
770 775 780

Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
785 790 795 800

Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815

Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
820 825 830

Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
835 840 845

Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser
850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
865 870 875 880

Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
900 905 910

Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

915	920	925	
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp			
930	935	940	
Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val			
945	950	955	960
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn			
965	970	975	
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr			
980	985	990	
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly			
995	1000	1005	
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala			
1010	1015	1020	
Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys			
1025	1030	1035	
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu			
1040	1045	1050	
Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly			
1055	1060	1065	
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val			
1070	1075	1080	
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Ala Leu Thr Asn			
1085	1090	1095	
Glu Ser Ile Tyr Ala Arg Gly Ser Phe Asp Lys Leu Ile Ser Arg			
1100	1105	1110	
Lys His Arg Phe Glu Ser Ser Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Ser Pro			
1115	1120	1125	
Thr Val Thr Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ser Lys Val Gln			
1130	1135	1140	
Asp Gly Lys Val Lys Lys Ile Lys Thr Gly Lys Glu Leu Ile Gly			
1145	1150	1155	

Ile Thr	Leu Leu Asp Lys Leu	Val Phe Glu Lys Asn	Pro Leu Lys
1160	1165	1170	
Phe Ile	Glu Asp Lys Gly Tyr	Gly Asn Val Gln Ile	Asp Lys Cys
1175	1180	1185	
Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Phe Glu	Asn Gly Thr
1190	1195	1200	
Arg Arg	Met Leu Ala Ser Arg	Gly Asp Leu Gln Lys	Ala Asn Glu
1205	1210	1215	
Met Phe	Leu Pro Ala Lys Leu	Val Thr Leu Leu Tyr	His Ala His
1220	1225	1230	
Lys Ile	Glu Ser Ser Lys Glu	Leu Glu His Glu Ala	Tyr Ile Leu
1235	1240	1245	
Asp His	Tyr Asn Asp Leu Tyr	Gln Leu Leu Ser Tyr	Ile Glu Arg
1250	1255	1260	
Phe Ala	Ser Leu Tyr Val Asp	Val Glu Lys Asn Ile	Ser Lys Val
1265	1270	1275	
Lys Glu	Leu Phe Ser Asn Ile	Glu Ser Tyr Ser Ile	Ser Glu Ile
1280	1285	1290	
Cys Ser	Ser Val Ile Asn Leu	Leu Thr Leu Thr Ala	Ser Gly Ala
1295	1300	1305	
Pro Ala	Asp Phe Lys Phe Leu	Gly Thr Thr Ile Pro	Arg Lys Arg
1310	1315	1320	
Tyr Gly	Ser Pro Gln Ser Ile	Leu Ser Ser Thr Leu	Ile His Gln
1325	1330	1335	
Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Thr Arg Ile Asp Leu	Ser Gln Leu
1340	1345	1350	
Gly Gly	Asp		
1355			
<210>	118		
<211>	1356		
<212>	PRT		
<213>	Streptococcus dysgalactiae		

<400> 118

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Met Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu

225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn

485 490 495
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Gly Lys Gln Lys

530 535 540
Glu Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605
Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620
Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640
Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr
645 650 655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

660 665 670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685
Arg Asn Phe Ile Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700
Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
705 710 715 720
Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu

725 730 735

Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
740 745 750
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln
755 760 765
Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
770 775 780
Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
785 790 795 800
Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815
Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
820 825 830
Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
835 840 845
Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser
850 855 860
Asp Asp Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
865 870 875 880
Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
885 890 895
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
900 905 910
Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
915 920 925
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp
930 935 940
Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val
945 950 955 960
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
965 970 975
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr

980	985	990
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser Glu Phe	Val Tyr Gly
995	1000	1005
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1010	1015	1020
Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1025	1030	1035
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu
1040	1045	1050
Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asn Lys Gly
1055	1060	1065
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Ala	Leu Thr Asn
1085	1090	1095
Glu Ser Ile Tyr Ala Arg Gly	Ser Phe Asp Lys Leu	Ile Ser Arg
1100	1105	1110
Lys His Arg Phe Glu Ser Ser	Lys Tyr Gly Gly Phe	Gly Ser Pro
1115	1120	1125
Thr Val Thr Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Ser	Lys Val Gln
1130	1135	1140
Asp Gly Lys Val Lys Lys Ile	Lys Thr Gly Lys Glu	Leu Ile Gly
1145	1150	1155
Ile Thr Leu Leu Asp Lys Leu	Val Phe Glu Lys Asn	Pro Leu Lys
1160	1165	1170
Phe Ile Glu Asp Lys Gly Tyr	Gly Asn Val Gln Ile	Asp Lys Cys
1175	1180	1185
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Phe Glu	Asn Gly Thr
1190	1195	1200
Arg Arg Met Leu Ala Ser Arg	Gly Asp Leu Gln Lys	Ala Asn Glu
1205	1210	1215

Met Phe Leu Pro Ala Lys Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala His

1220 1225 1230

Lys Ile Glu Ser Ser Lys Glu Leu Glu His Glu Ala Tyr Ile Leu

1235 1240 1245

Asp His Tyr Asn Asp Leu Tyr Gln Leu Leu Ser Tyr Ile Glu Arg

1250 1255 1260

Phe Ala Ser Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Ile Ser Lys Val

1265 1270 1275

Lys Glu Leu Phe Ser Asn Ile Glu Ser Tyr Ser Ile Ser Glu Ile

1280 1285 1290

Cys Ser Ser Val Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Ser Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Ala Asp Phe Lys Phe Leu Gly Thr Thr Ile Pro Arg Lys Arg

1310 1315 1320

Tyr Gly Ser Pro Gln Ser Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ile His Gln

1325 1330 1335

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu

1340 1345 1350

Gly Gly Asp

1355

<210> 119

<211> 1356

<212> PRT

<213> Streptococcus dysgalactiae

<400> 119

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
 165 170 175
 Asp Asn Ser Asp Met Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290 295 300
 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn

 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Gly Lys Gln Lys
 530 535 540

Glu Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val

545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser

565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu

610 615 620

Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Lys Tyr Ala Asn

625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr

645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn

675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

690 695 700

Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu

705 710 715 720

Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu

725 730 735

Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys

740 745 750

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln

755 760 765

Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly

770 775 780

Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn

785 790 795 800
 Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly

 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
 820 825 830
 Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser
 850 855 860
 Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp

 865 870 875 880
 Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp

 930 935 940
 Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly

 995 1000 1005
 Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala
 1010 1015 1020
 Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
 1025 1030 1035

Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1040	1045	1050
Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1055	1060	1065
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1070	1075	1080
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Ala Leu Thr Asn		
1085	1090	1095
Glu Ser Ile Tyr Ala Arg Gly Ser Phe Asp Lys Leu Ile Ser Arg		
1100	1105	1110
Lys His Arg Phe Glu Ser Ser Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Ser Pro		
1115	1120	1125
Thr Val Thr Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ser Lys Val Gln		
1130	1135	1140
Asp Gly Lys Val Lys Lys Ile Lys Thr Gly Lys Glu Leu Ile Gly		
1145	1150	1155
Ile Thr Leu Leu Asp Lys Leu Val Phe Glu Lys Asn Pro Leu Lys		
1160	1165	1170
Phe Ile Glu Asp Lys Gly Tyr Gly Asn Val Gln Ile Asp Lys Cys		
1175	1180	1185
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Asn Gly Thr		
1190	1195	1200
Arg Arg Met Leu Ala Ser Arg Gly Asp Leu Gln Lys Ala Asn Glu		
1205	1210	1215
Met Phe Leu Pro Ala Lys Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala His		
1220	1225	1230
Lys Ile Glu Ser Ser Lys Glu Leu Glu His Glu Ala Tyr Ile Leu		
1235	1240	1245
Asp His Tyr Asn Asp Leu Tyr Gln Leu Leu Ser Tyr Ile Glu Arg		
1250	1255	1260
Phe Ala Ser Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Ile Ser Lys Val		

1265 1270 1275
 Lys Glu Leu Phe Ser Asn Ile Glu Ser Tyr Ser Ile Ser Glu Ile
 1280 1285 1290
 Cys Ser Ser Val Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Ser Gly Ala

 1295 1300 1305
 Pro Ala Asp Phe Lys Phe Leu Gly Thr Thr Ile Pro Arg Lys Arg
 1310 1315 1320
 Tyr Gly Ser Pro Gln Ser Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ile His Gln
 1325 1330 1335
 Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu
 1340 1345 1350
 Gly Gly Asp
 1355
 <210> 120
 <211> 1356

 <212> PRT
 <213> Streptococcus dysgalactiae
 <400> 120
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Met Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys

195 200 205

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu

225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp

260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290 295 300

Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

305 310 315 320

Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala

325 330 335

Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly

370 375 380
Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

435				440				445							
Tyr	Tyr	Val	Gly	Pro	Leu	Ala	Arg	Gly	Asn	Ser	Arg	Phe	Ala	Trp	Met
450				455				460							
Thr	Arg	Lys	Ser	Glu	Glu	Thr	Ile	Thr	Pro	Trp	Asn	Phe	Glu	Glu	Val
465				470				475				480			
Val	Asp	Lys	Gly	Ala	Ser	Ala	Gln	Ser	Phe	Ile	Glu	Arg	Met	Thr	Asn
485				490				495							
Phe	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asn	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Lys	His	Ser	Leu

500				505				510							
Leu	Tyr	Glu	Tyr	Phe	Thr	Val	Tyr	Asn	Glu	Leu	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr
515				520				525							
Val	Thr	Glu	Gly	Met	Arg	Lys	Pro	Glu	Phe	Leu	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys
530				535				540							
Glu	Ala	Ile	Val	Asp	Leu	Leu	Phe	Lys	Thr	Asn	Arg	Lys	Val	Thr	Val
545				550				555				560			
Lys	Gln	Leu	Lys	Glu	Asp	Tyr	Phe	Lys	Lys	Ile	Glu	Cys	Phe	Asp	Ser

565 570 575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His

 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Ile Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

 690 695 700
 Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
 740 745 750
 Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln

 755 760 765
 Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
 770 775 780
 Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
 785 790 795 800
 Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp

 820 825 830
 Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser

850 855 860
 Asp Asp Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
 865 870 875 880
 Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn

 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp
 930 935 940
 Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val

 945 950 955 960
 Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala

 1010 1015 1020
 Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
 1025 1030 1035
 Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu
 1040 1045 1050
 Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly
 1055 1060 1065
 Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val

 1070 1075 1080
 Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Ala Leu Thr Asn
 1085 1090 1095

Glu Ser	Ile Tyr Ala Arg Gly	Ser Phe Asp Lys Leu	Ile Ser Arg
1100	1105	1110	
Lys His	Arg Phe Glu Ser Ser	Lys Tyr Gly Gly Phe	Gly Ser Pro
1115	1120	1125	
Thr Val	Thr Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Cys	Lys Val Gln
1130	1135	1140	
Asp Gly	Lys Val Lys Lys Ile	Lys Thr Gly Lys Glu	Leu Ile Gly
1145	1150	1155	
Ile Thr	Leu Leu Asp Lys Leu	Val Phe Glu Lys Asn	Pro Leu Lys
1160	1165	1170	
Phe Ile	Glu Asp Lys Gly Tyr	Gly Asn Val Gln Ile	Asp Lys Cys
1175	1180	1185	
Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Phe Glu	Asn Gly Thr
1190	1195	1200	
Arg Arg	Met Leu Ala Ser Arg	Gly Asp Leu Gln Lys	Ala Asn Glu
1205	1210	1215	
Met Phe	Leu Pro Ala Lys Leu	Val Thr Leu Leu Tyr	His Ala His
1220	1225	1230	
Lys Ile	Glu Ser Ser Lys Glu	Leu Glu His Glu Ala	Tyr Ile Leu
1235	1240	1245	
Asp His	Tyr Asn Asp Leu Tyr	Gln Leu Leu Ser Tyr	Ile Glu Arg
1250	1255	1260	
Phe Ala	Ser Leu Tyr Val Asp	Val Glu Lys Asn Ile	Ser Lys Val
1265	1270	1275	
Lys Glu	Leu Phe Ser Asn Ile	Glu Ser Tyr Ser Ile	Ser Glu Ile
1280	1285	1290	
Cys Ser	Ser Val Ile Asn Leu	Leu Thr Leu Thr Ala	Ser Gly Ala
1295	1300	1305	
Pro Ala	Asp Phe Lys Phe Leu	Gly Thr Thr Ile Pro	Arg Lys Arg
1310	1315	1320	
Tyr Gly	Ser Pro Gln Ser Ile	Leu Ser Ser Thr Leu	Ile His Gln

1325 1330 1335
Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu

1340 1345 1350
Gly Gly Asp

1355
<210> 121
<211> 1356
<212> PRT
<213> Streptococcus dysgalactiae
<400> 121

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Arg

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Ser Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Arg Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Arg Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Ser Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Ala Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Ile Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Ala Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly His Ser Leu His Glu
705 710 715 720

Gln Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Ser Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Lys
740 745 750

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln
755 760 765

Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly
770 775 780

Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn
785 790 795 800

Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815

Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp
820 825 830

Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser
835 840 845

Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser
850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp
865 870 875 880

Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly
900 905 910

Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

915	920	925	
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp			
930	935	940	
Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val			
945	950	955	960
Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn			
965	970	975	
Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr			
980	985	990	
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly			
995	1000	1005	
Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala			
1010	1015	1020	
Thr Ala Lys Arg Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys			
1025	1030	1035	
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu			
1040	1045	1050	
Ile Glu Thr Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly			
1055	1060	1065	
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val			
1070	1075	1080	
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Ala Leu Thr Asn			
1085	1090	1095	
Glu Ser Ile Tyr Ala Arg Gly Ser Phe Asp Lys Leu Ile Ser Arg			
1100	1105	1110	
Lys His Arg Phe Glu Ser Ser Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Ser Pro			
1115	1120	1125	
Thr Val Thr Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ser Lys Val Gln			
1130	1135	1140	
Asp Gly Lys Val Lys Lys Ile Lys Thr Gly Lys Glu Leu Ile Gly			
1145	1150	1155	

Ile Thr Leu Leu Asp Lys Leu Val Phe Glu Lys Asn Pro Leu Lys

1160 1165 1170

Phe Ile Glu Asp Lys Gly Tyr Gly Asn Val Gln Ile Asp Lys Cys

1175 1180 1185

Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Asn Gly Thr

1190 1195 1200

Arg Arg Met Leu Ala Ser Arg Gly Asp Leu Gln Lys Ala Asn Glu

1205 1210 1215

Met Phe Leu Pro Ala Lys Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala His

1220 1225 1230

Lys Ile Glu Ser Ser Lys Glu Leu Glu His Glu Ala Tyr Ile Leu

1235 1240 1245

Asp His Tyr Asn Asp Leu Tyr Gln Leu Leu Ser Tyr Ile Glu Arg

1250 1255 1260

Phe Ala Ser Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Ile Ser Lys Val

1265 1270 1275

Lys Glu Leu Phe Ser Asn Ile Glu Ser Tyr Ser Ile Ser Glu Ile

1280 1285 1290

Cys Ser Ser Val Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Ser Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Ala Asp Phe Lys Phe Leu Gly Thr Thr Ile Pro Arg Lys Arg

1310 1315 1320

Tyr Gly Ser Pro Gln Ser Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ile His Gln

1325 1330 1335

Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu

1340 1345 1350

Gly Gly Asp

1355

<210> 122

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus equi

<400> 122

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Ala Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Val Val Val Thr Asp Asp Tyr Arg Val Pro Thr Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Glu Arg Lys Thr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asp Thr Ala Glu Gly Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Lys Glu Ile Phe Thr Glu Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Gly

85 90 95

Phe Phe Gln Arg Leu Glu Asp Ser Phe Tyr Val Leu Glu Asp Lys Glu

100 105 110

Gly Asn Lys His Pro Ile Phe Ala Asn Leu Ala Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Lys Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Val Asp

130 135 140

Asn Pro Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Val Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Thr Leu Ser Ser

165 170 175

Lys Asn Asn Asn Leu Gln Lys Ser Phe Asp His Leu Val Asp Thr Tyr

180 185 190

Asn Leu Leu Phe Glu Glu Gln Leu Leu Thr Glu Gly Ile Asn Ala Lys

195 200 205

Glu Leu Leu Ser Ala Ala Leu Ser Lys Ser Lys Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ser Leu Ile Pro Gly Gln Lys Lys Thr Gly Ile Phe Gly Asn Ile

225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ala Asn Phe Gly
245 250 255

Leu Ser Lys Asp Val Lys Leu Gln Leu Ala Lys Asp Thr Tyr Ala Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Ser Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Thr Glu Ser Asp Glu Ile Thr Arg Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Val Lys Arg Tyr Arg Glu His His Lys Asp Leu Val Thr Leu Lys Thr
325 330 335

Leu Ile Lys Asp Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe Leu Asp
340 345 350

Lys Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Gln Val Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Pro Ile Leu Ala Arg Leu Asp Gly
370 375 380

Ser Glu Pro Leu Leu Leu Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Glu
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Val Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Lys Lys Ile Glu Ser Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly His Ser Arg Phe Ala Trp Val
450 455 460

Lys Arg Lys Phe Asp Gly Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu Ile
465 470 475 480

Val Asp Glu Glu Ala Ser Ala Gln Ile Phe Ile Glu Lys Met Thr Lys

485	490	495
Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu		
500	505	510
Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr		
515	520	525
Ala Thr Glu Gly Met Thr Arg Pro Gln Phe Leu Ser Ala Asp Gln Lys		
530	535	540
Gln Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val		
545	550	555
Lys Gln Leu Lys Glu Asn Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Trp Asp Ser		
565	570	575
Val Glu Ile Thr Gly Val Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr		
580	585	590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Gln Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn		
595	600	605
Pro Asp Asn Gln Lys Ile Ile Glu Asp Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu		
610	615	620
Phe Glu Asp Lys Lys Met Ile Ser Lys Arg Leu Asp Gln Tyr Ala His		
625	630	635
Leu Phe Asp Lys Val Val Leu Asn Lys Leu Glu Arg His His Tyr Thr		
645	650	655
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gly Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys		
660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Ser Glu Leu Ser Phe Ile Asp		
690	695	700
Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Lys Thr Glu Tyr Ser Lys Asp		
705	710	715
Leu Val Gly Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Ser		
725	730	735

Gln Thr Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met Gly Tyr Leu
740 745 750

Pro Gln Gln Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
755 760 765

Gln Gly Ile Lys Asn Ala Arg Gln Arg Met Arg Lys Leu Glu Glu Thr
770 775 780

Ala Lys Lys Leu Gly Ser Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Val Asp Asn
785 790 795 800

Ser Gln Leu Gln Asn Asp Lys Arg Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815

Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Asp Leu Asp Ile Asp Tyr Leu Ser Ser
820 825 830

Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asn Asn Ser
835 840 845

Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Ser Gln Gly Ala Asn Arg Gly Lys Leu
850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Glu Ala Ile Val Arg Lys Met Lys Gly Tyr Trp
865 870 875 880

Gln Ser Leu Leu Arg Ala Gly Ala Ile Ser Lys Gln Lys Phe Asp Asn
885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Gln Val Asp Lys Ala Gly
900 905 910

Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
915 920 925

Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Asp His Asn
930 935 940

Lys Arg Ile Arg Lys Val His Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val
945 950 955 960

Ser Asp Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Ile Arg Asp Ile Asn
965 970 975

His Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys

980	985	990
Ala Ile Leu Gly Lys Tyr Pro Gln	Leu Ala Pro Glu Phe	Val Tyr Gly
995	1000	1005
Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser	Phe Lys Glu Arg Gln	Lys Ala Thr
1010	1015	1020
Gln Lys Met Leu Phe Tyr Ser	Asn Ile Leu Lys Phe	Phe Lys Asp
1025	1030	1035
Gln Glu Ser Leu His Val Asn	Ser Asp Gly Glu Glu	Ile Trp Asn
1040	1045	1050
Ala Asn Lys His Leu Pro Ile	Ile Lys Asn Val Leu	Ser Ile Pro
1055	1060	1065
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Val Gln Thr	Gly Gly Phe
1070	1075	1080
Tyr Lys Glu Ser Ile Leu Ser	Lys Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1085	1090	1095
Pro Arg Lys Asn Asn Trp Asp	Thr Arg Lys Tyr Gly	Gly Phe Asp
1100	1105	1110
Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser	Val Leu Val Ile Ala	Lys Met Glu
1115	1120	1125
Lys Gly Lys Ala Lys Val Leu	Lys Pro Val Lys Glu	Met Val Gly
1130	1135	1140
Ile Thr Ile Met Glu Arg Thr	Ala Phe Glu Glu Asn	Pro Val Val
1145	1150	1155
Phe Leu Glu Ala Arg Gly Tyr	Arg Glu Ile Gln Glu	His Leu Ile
1160	1165	1170
Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Leu Glu	Asn Gly Arg
1175	1180	1185
Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ser	Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu
1190	1195	1200
Phe Leu Pro Val Asp Tyr Met	Thr Phe Leu Tyr Leu	Ala Ala His
1205	1210	1215

Tyr His Glu Leu Thr Gly Ser Ser Glu Asp Val Leu Arg Lys Lys
1220 1225 1230

Tyr Phe Val Asp Arg His Leu His Tyr Phe Asp Asp Ile Ile Gln
1235 1240 1245

Met Ile Asn Asp Phe Ala Glu Arg His Ile Leu Ala Ser Ser Asn
1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Asn His Thr Tyr His Asn Asn Ser Asp Leu Pro
1265 1270 1275

Val Asn Glu Arg Ala Glu Asn Ile Ile Asn Val Phe Thr Phe Val
1280 1285 1290

Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Ala Thr Ile
1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asn Ala Thr
1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1325 1330 1335

Leu Ser Gln Leu Gly Glu Asn
1340 1345

<210> 123

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus equi

<400> 123

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Ala Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Val Val Val Thr Asp Asp Tyr Arg Val Pro Thr Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Glu Arg Lys Thr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asp Thr Ala Glu Gly Thr Arg Leu

50 55 60

Lys	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg	Arg	Tyr	Thr	Arg	Arg	Lys	Asn	Arg	Leu	Arg
65				70					75					80	
Tyr	Leu	Lys	Glu	Ile	Phe	Thr	Glu	Glu	Met	Ala	Lys	Val	Asp	Asp	Gly
			85					90						95	
Phe	Phe	Gln	Arg	Leu	Glu	Asp	Ser	Phe	Tyr	Val	Leu	Glu	Asp	Lys	Glu
		100						105					110		
Gly	Asn	Lys	His	Pro	Ile	Phe	Ala	Asn	Leu	Ala	Asp	Glu	Val	Ala	Tyr
	115						120					125			
His	Lys	Lys	Tyr	Pro	Thr	Ile	Tyr	His	Leu	Arg	Lys	Glu	Leu	Val	Asp
130						135					140				
Asn	Pro	Gln	Lys	Ala	Asp	Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	Leu	Ala	Val	Ala	His
145				150						155					160
Ile	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	His	Phe	Leu	Ile	Glu	Gly	Thr	Leu	Ser	Ser
			165					170						175	
Lys	Asn	Asn	Asn	Leu	Gln	Lys	Ser	Phe	Asp	His	Leu	Val	Asp	Thr	Tyr
		180						185					190		
Asn	Leu	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Leu	Leu	Thr	Glu	Gly	Ile	Asn	Ala	Lys
	195						200					205			
Glu	Leu	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Ser	Lys	Ser	Lys	Arg	Leu	Glu	Asn	Leu
210						215				220					
Ile	Ser	Leu	Ile	Pro	Gly	Gln	Lys	Lys	Thr	Gly	Ile	Phe	Gly	Asn	Ile
225				230						235					240
Ile	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Leu	Thr	Pro	Asn	Phe	Lys	Ala	Asn	Phe	Gly
			245						250					255	
Leu	Ser	Lys	Asp	Val	Lys	Leu	Gln	Leu	Ala	Lys	Asp	Thr	Tyr	Ala	Asp
		260						265					270		
Asp	Leu	Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Gln	Ile	Gly	Asp	Gln	Tyr	Ala	Asp	Leu
	275					280						285			
Phe	Leu	Ala	Ala	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Ala	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Ile
290						295					300				
Leu	Thr	Glu	Ser	Asp	Glu	Ile	Thr	Arg	Ala	Pro	Leu	Ser	Ala	Ser	Met

305	310							315							320						
Val	Lys	Arg	Tyr	Arg	Glu	His	His	Lys	Asp	Leu	Val	Thr	Leu	Lys	Thr						
325				330				335													
Leu	Ile	Lys	Asp	Gln	Leu	Pro	Glu	Lys	Tyr	Gln	Glu	Ile	Phe	Leu	Asp						
340				345				350													
Lys	Thr	Lys	Asn	Gly	Tyr	Ala	Gly	Tyr	Ile	Glu	Gly	Gln	Val	Ser	Gln						
355				360				365													
Glu	Glu	Phe	Tyr	Lys	Tyr	Leu	Lys	Pro	Ile	Leu	Ala	Arg	Leu	Asp	Gly						
370				375				380													
Ser	Glu	Pro	Leu	Leu	Leu	Lys	Ile	Asp	Arg	Glu	Asp	Phe	Leu	Arg	Lys						
385				390				395				400									
Gln	Arg	Thr	Phe	Asp	Asn	Gly	Ser	Ile	Pro	His	Gln	Ile	His	Leu	Glu						
405				410				415													
Glu	Leu	His	Ala	Ile	Leu	Arg	Arg	Gln	Glu	Val	Phe	Tyr	Pro	Phe	Leu						
420				425				430													
Lys	Asp	Asn	Arg	Lys	Lys	Ile	Glu	Ser	Leu	Leu	Thr	Phe	Arg	Ile	Pro						
435				440				445													
Tyr	Tyr	Val	Gly	Pro	Leu	Ala	Arg	Gly	His	Ser	Arg	Phe	Ala	Trp	Val						
450				455				460													
Lys	Arg	Lys	Phe	Asp	Gly	Ala	Ile	Arg	Pro	Trp	Asn	Phe	Glu	Glu	Ile						
465				470				475				480									
Val	Asp	Glu	Glu	Ala	Ser	Ala	Gln	Ile	Phe	Ile	Glu	Lys	Met	Thr	Lys						
485				490				495													
Asn	Asp	Leu	Tyr	Leu	Pro	Asn	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Lys	His	Ser	Leu						
500				505				510													
Leu	Tyr	Glu	Thr	Phe	Thr	Val	Tyr	Asn	Glu	Leu	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr						
515				520				525													
Ala	Thr	Glu	Gly	Met	Thr	Arg	Pro	Gln	Phe	Leu	Ser	Ala	Asp	Gln	Lys						
530				535				540													
Gln	Ala	Ile	Val	Asp	Leu	Leu	Phe	Lys	Thr	Asn	Arg	Lys	Val	Thr	Val						
545				550				555				560									

Lys Gln Leu Lys Glu Asn Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Trp Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Thr Gly Val Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Gln Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Pro Asp Asn Gln Lys Ile Ile Glu Asp Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Lys Lys Met Ile Ser Lys Arg Leu Asp Gln Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Lys Val Val Leu Asn Lys Leu Glu Arg His His Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gly Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Ser Glu Leu Ser Phe Ile Asp
690 695 700

Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Lys Thr Glu Tyr Ser Lys Asp
705 710 715 720

Leu Val Gly Asn Leu Ala Ser Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Ser
725 730 735

Gln Thr Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met Gly Tyr Leu
740 745 750

Pro Gln Gln Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
755 760 765

Gln Gly Ile Lys Asn Ala Arg Gln Arg Met Arg Lys Leu Glu Glu Thr
770 775 780

Ala Lys Lys Leu Gly Ser Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Val Asp Asn
785 790 795 800

Ser Gln Leu Gln Asn Asp Lys Arg Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly

	805	810	815
Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Asp Leu Asp Ile Asp Tyr Leu Ser Ser			
	820	825	830
Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asn Asn Ser			
	835	840	845
Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Ser Gln Gly Ala Asn Arg Gly Lys Leu			
	850	855	860
Asp Asn Val Pro Ser Glu Ala Ile Val Arg Lys Met Lys Gly Tyr Trp			
865	870	875	880
Gln Ser Leu Leu Arg Ala Gly Ala Ile Ser Lys Gln Lys Phe Asp Asn			
	885	890	895
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Gln Val Asp Lys Ala Gly			
	900	905	910
Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val			
	915	920	925
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Asp His Asn			
	930	935	940
Lys Arg Ile Arg Lys Val His Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val			
945	950	955	960
Ser Asp Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Ile Arg Asp Ile Asn			
	965	970	975
His Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys			
	980	985	990
Ala Ile Leu Gly Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly			
	995	1000	1005
Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Phe Lys Glu Arg Gln Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Gln Lys Thr Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Lys Phe Phe Lys Asp			
	1025	1030	1035
Gln Glu Ser Leu His Val Asn Ser Asp Gly Glu Glu Ile Trp Asn			
1040	1045	1050	

Ala Asn	Lys His	Leu Pro	Ile Ile	Lys Asn	Val Leu	Ser Ile	Pro
1055			1060			1065	
Gln Val	Asn Ile	Val Lys	Lys Thr	Glu Val	Gln Thr	Gly Gly	Phe
1070			1075			1080	
Tyr Lys	Glu Ser	Ile Leu	Ser Lys	Gly Asn	Ser Asp	Lys Leu	Ile
1085			1090			1095	
Pro Arg	Lys Asn	Asn Trp	Asp Thr	Arg Lys	Tyr Gly	Gly Phe	Asp
1100			1105			1110	
Ser Pro	Thr Val	Ala Tyr	Ser Val	Leu Val	Ile Ala	Lys Met	Glu
1115			1120			1125	
Lys Gly	Lys Ala	Lys Val	Leu Lys	Pro Val	Lys Glu	Met Val	Gly
1130			1135			1140	
Ile Thr	Ile Met	Glu Arg	Ile Ala	Phe Glu	Glu Asn	Pro Val	Val
1145			1150			1155	
Phe Leu	Glu Ala	Lys Gly	Tyr Arg	Glu Ile	Gln Glu	His Leu	Ile
1160			1165			1170	
Ile Lys	Leu Pro	Lys Tyr	Ser Leu	Phe Glu	Leu Glu	Asn Gly	Arg
1175			1180			1185	
Arg Arg	Leu Leu	Ala Ser	Ser Glu	Leu Gln	Lys Gly	Asn Glu	Leu
1190			1195			1200	
Phe Leu	Pro Val	Asp Tyr	Met Thr	Phe Leu	Tyr Leu	Ala Ala	His
1205			1210			1215	
Tyr His	Glu Leu	Thr Gly	Ser Ser	Glu Asp	Val Leu	Arg Lys	Lys
1220			1225			1230	
Tyr Phe	Val Glu	Arg His	Leu His	Tyr Phe	Asp Asp	Ile Ile	Gln
1235			1240			1245	
Met Ile	Asn Asp	Phe Ala	Glu Arg	His Ile	Leu Ala	Ser Ser	Asn
1250			1255			1260	
Leu Glu	Lys Ile	Asn His	Thr Tyr	His Asn	Asn Ser	Asp Leu	Pro
1265			1270			1275	
Ile Asn	Glu Arg	Ala Glu	Asn Ile	Ile Ile	Asn Val	Phe Thr	Phe Val

1280 1285 1290
 Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Ala Thr Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320

 Leu Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Gln Leu Gly Glu Asn
 1340 1345
 <210> 124
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus equi
 <400> 124
 Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Ala Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Val Val Val Thr Asp Asp Tyr Arg Val Pro Thr Lys Lys Met
 20 25 30

 Lys Val Leu Gly Asn Thr Glu Arg Lys Thr Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asp Thr Ala Glu Gly Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Pro Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Phe Leu Lys Glu Ile Phe Thr Glu Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Gly
 85 90 95

 Phe Phe Gln Arg Leu Glu Asp Ser Phe Tyr Val Leu Glu Asp Lys Glu
 100 105 110
 Gly Asn Lys His Pro Ile Phe Ala Asn Leu Ala Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Lys Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Val Asp
 130 135 140

Asn Pro Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Val Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Thr Leu Ser Ser
165 170 175

Lys Asn Asn Asn Leu Gln Lys Ser Phe Asp His Leu Val Asp Thr Tyr
180 185 190

Asn Leu Leu Phe Glu Glu Gln Leu Leu Thr Glu Gly Ile Asn Ala Lys
195 200 205

Glu Leu Leu Ser Ala Ala Leu Ser Lys Ser Lys Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220

Ile Ser Leu Ile Pro Gly Gln Lys Lys Thr Gly Ile Phe Gly Asn Ile
225 230 235 240

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ala Asn Phe Gly
245 250 255

Leu Ser Lys Asp Val Lys Leu Gln Leu Ala Lys Asp Thr Tyr Ala Asp
260 265 270

Asp Leu Asp Ser Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
290 295 300

Leu Thr Glu Ser Asp Glu Ile Thr Arg Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Val Lys Arg Tyr Arg Glu His His Lys Asp Leu Val Thr Leu Lys Thr
325 330 335

Leu Ile Lys Asp Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Gln Glu Ile Phe Leu Asp
340 345 350

Lys Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Gln Val Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Pro Ile Leu Ala Arg Leu Asp Gly
370 375 380

Ser Glu Pro Leu Leu Leu Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys

385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Glu
 405 410 415

 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Val Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Lys Lys Ile Glu Ser Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly His Ser Arg Phe Ala Trp Val
 450 455 460
 Lys Arg Lys Phe Asp Gly Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu Ile
 465 470 475 480

 Val Asp Glu Glu Ala Ser Ala Gln Ile Phe Ile Glu Lys Met Thr Lys
 485 490 495
 Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Ala Thr Glu Gly Met Thr Arg Pro Gln Phe Leu Ser Ala Asp Gln Lys
 530 535 540

 Gln Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asn Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Trp Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Thr Gly Val Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Gln Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605

 Pro Asp Asn Gln Lys Ile Ile Glu Asp Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Lys Met Ile Ser Lys Arg Leu Asp Gln Tyr Ala His
 625 630 635 640

Leu Phe Asp Lys Val Val Leu Asn Lys Leu Glu Arg His His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gly Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670

 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Ser Glu Leu Ser Phe Ile Asp
 690 695 700
 Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Lys Thr Glu Tyr Ser Lys Asp
 705 710 715 720
 Leu Val Gly Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Ser
 725 730 735

 Gln Thr Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met Gly Tyr Leu
 740 745 750
 Pro Gln Gln Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
 755 760 765
 Gln Gly Ile Lys Asn Ala Arg Gln Arg Met Arg Lys Leu Glu Glu Thr
 770 775 780
 Ala Lys Lys Leu Gly Ser Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Val Asp Asn
 785 790 795 800

 Ser Gln Leu Gln Asn Asp Lys Arg Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Asp Leu Asp Ile Asp Tyr Leu Ser Ser
 820 825 830
 Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asn Asn Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Ser Gln Gly Ala Asn Arg Gly Lys Leu
 850 855 860

 Asp Asn Val Pro Ser Glu Ala Ile Val Arg Lys Met Lys Gly Tyr Trp
 865 870 875 880
 Gln Ser Leu Leu Arg Ala Gly Ala Ile Ser Lys Gln Lys Phe Asp Asn

885	890	895
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Gln Val Asp Lys Ala Gly		
900	905	910
Phe Ile Gln Leu Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
915	920	925
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Phe Asp Asp His Asn		
930	935	940
Lys Arg Ile Arg Lys Val His Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val		
945	950	955
Ser Asp Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Ile Arg Asp Ile Asn		
965	970	975
His Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys		
980	985	990
Ala Ile Leu Gly Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly		
995	1000	1005
Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Phe Lys Glu Arg Gln Lys Ala Thr		
1010	1015	1020
Gln Lys Thr Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Leu Lys Phe Phe Lys Asp		
1025	1030	1035
Gln Glu Ser Leu His Val Asn Ser Asp Gly Glu Glu Ile Trp Asn		
1040	1045	1050
Ala Asn Lys His Leu Pro Ile Ile Lys Asn Val Leu Ser Ile Pro		
1055	1060	1065
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe		
1070	1075	1080
Tyr Lys Glu Ser Ile Leu Ser Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile		
1085	1090	1095
Pro Arg Lys Asn Asn Trp Asp Thr Arg Lys Tyr Gly Gly Phe Asp		
1100	1105	1110
Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Ile Ala Lys Met Glu		
1115	1120	1125

Lys Gly	Lys Ala Lys Val Leu	Lys Pro Val Lys Glu	Met Val Gly
1130	1135	1140	
Ile Thr	Ile Met Glu Arg Ile	Ala Phe Glu Glu Asn	Pro Val Val
1145	1150	1155	
Phe Leu	Glu Ala Lys Gly Tyr	Arg Glu Ile Gln Glu	His Leu Ile
1160	1165	1170	
Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu Leu Glu	Asn Gly Arg
1175	1180	1185	
Arg Arg	Leu Leu Ala Ser Ser	Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu
1190	1195	1200	
Phe Leu	Pro Val Asp Tyr Met	Thr Phe Leu Tyr Leu	Ala Ala His
1205	1210	1215	
Tyr His	Glu Leu Thr Gly Ser	Ser Glu Asp Val Leu	Arg Lys Lys
1220	1225	1230	
Tyr Phe	Val Glu Arg His Leu	His Tyr Phe Asp Asp	Ile Ile Gln
1235	1240	1245	
Met Ile	Asn Asp Phe Ala Glu	Arg His Ile Leu Ala	Ser Ser Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Asn His Thr	Tyr His Asn Asn Ser	Asp Leu Pro
1265	1270	1275	
Val Asn	Glu Arg Ala Glu Asn	Ile Ile Asn Val Phe	Thr Phe Val
1280	1285	1290	
Ala Leu	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe Phe Asp	Ala Thr Ile
1295	1300	1305	
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu Val Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320	
Leu Ile	His Gln Ser Val Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335	
Leu Ser	Gln Leu Gly Glu Asn		
1340	1345		
<210>	125		
<211>	1360		

<212> PRT

<213> Streptococcus equinus

<400> 125

Met Glu Lys Thr Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Ala Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Lys Glu Met Ala Lys Val Asp Glu Ser

85 90 95

Phe Phe Gln Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Thr

100 105 110

Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Thr Tyr

115 120 125

His Gln Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Asn Ala

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr

180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205

Ala Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

210 215 220

Leu Ile Lys Gln Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Leu Val Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255

 Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Thr Ala Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

 Met Ile Lys Arg Tyr Glu Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys
 325 330 335
 Thr Phe Ile Lys Val Asn Asn Phe Asp Lys Tyr His Glu Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Lys Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Ile Phe Tyr Lys His Leu Lys Ser Ile Ile Ser Glu Lys Asn
 370 375 380

 Gly Gly Gln Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Thr Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Ala Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Lys Tyr His Ser Asp Glu Pro Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

 Tyr Val Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys
 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Ser Phe Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Ala Lys Leu Leu Ser Tyr Leu Asn Asn Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
 565 570 575

 Asn Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Asp Ser Lys Ser Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asp Lys Thr Asn Glu Gln Ile Ile Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Asp Met Ile His Glu Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640

 Ser Asp Ile Phe Thr Ser Gln Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asp Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu Ser
 690 695 700

 Phe Lys Thr Thr Ile Gln Glu Ala Gln Val Val Gly Asp Val Asp Asp
 705 710 715 720

Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
740 745 750

Gly His Asn Pro Gln Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Ile Thr Gly Tyr Gly Arg Asn Arg Ser Asn Gln Arg Leu Lys Arg Leu
770 775 780

Gln Asp Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Val Asp Ser Lys Val Glu Asn Ser
785 790 795 800

His Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys
805 810 815

Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp His Leu Ser Asp Tyr
820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Ile
835 840 845

Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp
850 855 860

Asp Val Pro Ser Ile Glu Ile Val Arg Asn Arg Lys Ser Tyr Trp Tyr
865 870 875 880

Lys Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn Leu
885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Thr Asp Lys Ala Gly Phe
900 905 910

Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala
915 920 925

Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Lys Cys Asp Glu Asn Asp Lys
930 935 940

Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Ser Leu Val Ser
945 950 955 960

Gln Phe Arg Lys Glu Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp

965	970	975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala		
980	985	990
Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu		
995	1000	1005
Tyr Lys Lys Tyr Asp Val Ser Ser Asp Asn His Ser Glu Leu Gly		
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe		
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Glu Val Lys Tyr Ala Asp Gly Arg Val Phe Glu Arg		
1040	1045	1050
Pro Asp Ile Glu Thr Asn Ala Asp Gly Glu Val Val Trp Asn Lys		
1055	1060	1065
Gln Arg Asp Phe Asn Ile Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Pro		
1100	1105	1110
Arg Lys Thr Lys Lys Leu Gln Trp Glu Thr Gln Lys Tyr Gly Gly		
1115	1120	1125
Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Asp		
1130	1135	1140
Val Glu Lys Gly Lys Thr Arg Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Leu		
1145	1150	1155
Val Gly Ile Ser Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Glu Asn Pro		
1160	1165	1170
Val Ser Phe Leu Glu Lys Lys Gly Tyr His Asn Val Gln Glu Asp		
1175	1180	1185
Lys Leu Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Gly		
1190	1195	1200

Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Thr Glu Leu Gln Lys Gly
 1205 1210 1215
 Asn Glu Val Val Leu Pro Gln Tyr Met Val Asn Leu Leu Tyr His
 1220 1225 1230
 Ser Gln His Val Asn Asn Ser His Lys Pro Glu His Leu Asn Tyr
 1235 1240 1245
 Val Lys Gln His Lys Asp Glu Phe Lys Asp Ile Phe Asn Leu Ile
 1250 1255 1260

Ile Ser Ile Ala Arg Ile Asn Ile Leu Lys Pro Lys Val Val Asp
 1265 1270 1275
 Asn Leu Ile Asn Glu Phe Thr Glu Tyr Gly Gln Glu Asp Ile Ser
 1280 1285 1290
 Ser Leu Ser Glu Ser Phe Ile Asn Leu Leu Lys Phe Ile Ser Phe
 1295 1300 1305
 Gly Ala Pro Gly Ala Phe Lys Phe Leu Lys Leu Asp Val Lys Gln
 1310 1315 1320

Ser Asn Leu Arg Tyr Lys Ser Thr Thr Glu Ala Leu Ser Ala Thr
 1325 1330 1335
 Leu Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1340 1345 1350
 Leu Ser Lys Leu Gly Glu Glu
 1355 1360

<210> 126

<211> 1353

<212> PRT

<213> Streptococcus gallolyticus

<400> 126

Met Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser
 1 5 10 15

Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys
 20 25 30

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu

35	40	45
Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg		
50	55	60
Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu		
65	70	75
		80
Arg Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Thr Lys Val Asp Glu		
85	90	95
Ser Phe Phe Tyr Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Thr Asp Glu Lys		
100	105	110
Asp Phe Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala		
115	120	125
Tyr His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Asn Tyr Leu Ala		
130	135	140
Asp Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala		
145	150	155
His Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Asn		
165	170	175
Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Thr Asp Phe Val Gly Val		
180	185	190
Tyr Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp		
195	200	205
Val Ala Ser Thr Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu		
210	215	220
Asn Leu Ile Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly		
225	230	235
Asn Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Met Asn		
245	250	255
Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr		
260	265	270
Glu Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala		
275	280	285

Asp Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu
 325 330 335

 Lys Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Ser Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe
 340 345 350
 Lys Asp Lys Asn Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val
 355 360 365
 Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile
 370 375 380
 Asp Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Lys Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Val Arg Lys Asp Ser Arg Phe Ala
 450 455 460

 Trp Ala Glu Tyr Arg Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp
 465 470 475 480
 Lys Val Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met
 485 490 495
 Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser His Val Tyr Glu Thr Tyr Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile
 515 520 525

 Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Glu Ser Phe Phe Asp Ser Asn Met

530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Lys Glu Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Pro Glu Tyr Arg
 565 570 575
 Ile Lys Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe Asn Ala
 580 585 590

 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Ala Phe
 595 600 605
 Leu Asp Asp Lys Val Asn Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Ile Lys Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Lys Asp Met Ile His Glu Arg Leu Gln Lys
 625 630 635 640
 Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Ala Asn Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg
 645 650 655

 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu
 690 695 700
 Pro Phe Lys Gln Ile Ile Gln Lys Ser Gln Val Val Gly Asp Val Asp
 705 710 715 720

 Asp Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Asp Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Ser Gln Ser Gln Gln Arg Leu Lys Lys
 770 775 780

Leu Gln Ser Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Asp Lys Val Glu Asn
 785 790 795 800
 Ser His Leu Gln Asn Asp Gln Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly
 805 810 815
 Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu Ser Asp
 820 825 830
 Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser
 835 840 845

 Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser
 850 855 860
 Asp Asp Val Pro Ser Leu Asp Ile Val Arg Ala Arg Lys Ala Glu Trp
 865 870 875 880
 Val Arg Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Gly
 900 905 910

 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu His Asp Glu Asn Asp
 930 935 940
 Lys Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Gln Phe Arg Lys Asp Phe Glu Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975

 Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Glu Tyr Lys Lys Tyr Asp Ile Ser Ser Asp Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Thr Lys Val

1025	1030	1035
Lys Tyr Ala Asp Gly Thr Val	Phe Glu Arg Pro Ile	Ile Glu Thr
1040	1045	1050
Asn Ala Asp Gly Glu Ile Ala	Trp Asn Lys Gln Ile	Asp Phe Glu
1055	1060	1065
Lys Val Arg Lys Val Leu Ser	Tyr Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1070	1075	1080
Lys Val Glu Thr Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1085	1090	1095
Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys	Leu Ile Pro Arg Lys	Thr Lys Lys
1100	1105	1110
Val Tyr Trp Asp Thr Lys Lys	Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr
1115	1120	1125
Val Ala Tyr Ser Val Phe Val	Val Ala Asp Val Glu	Lys Gly Lys
1130	1135	1140
Ala Lys Lys Leu Lys Thr Val	Lys Glu Leu Val Gly	Ile Ser Ile
1145	1150	1155
Met Glu Arg Ser Phe Phe Glu	Glu Asn Pro Val Glu	Phe Leu Glu
1160	1165	1170
Asn Lys Gly Tyr His Asn Ile	Arg Glu Asp Lys Leu	Ile Lys Leu
1175	1180	1185
Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu	Phe Glu Gly Gly Arg	Arg Arg Leu
1190	1195	1200
Leu Ala Ser Ala Ser Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Met Val Leu
1205	1210	1215
Pro Gly Tyr Leu Val Glu Leu	Leu Tyr His Ala His	Arg Ala Asp
1220	1225	1230
Asn Phe Asn Ser Thr Glu Tyr	Leu Asn Tyr Val Ser	Glu His Lys
1235	1240	1245
Lys Glu Phe Glu Lys Val Leu	Ser Cys Val Glu Asp	Phe Ala Asn
1250	1255	1260

Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Leu Ser Lys Ile Arg Ala Val
1265 1270 1275

Ala Asp Ser Met Asp Asn Phe Ser Ile Glu Glu Ile Ser Asn Ser
1280 1285 1290

Phe Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Pro Ala Asp
1295 1300 1305

Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser
1310 1315 1320

Thr Lys Glu Cys Leu Thr Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
1325 1330 1335

Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Glu
1340 1345 1350

<210> 127

<211> 1354

<212> PRT

<213> Streptococcus gallolyticus

<400> 127

Met Thr Glu Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser
1 5 10 15

Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys
20 25 30

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu

35 40 45

Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Asn Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg
50 55 60

Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu
65 70 75 80

Arg Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ala Lys Val Asp Glu
85 90 95

Ser Phe Phe Tyr Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Thr Asp Asp Lys

100 105 110

Asp Phe Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Asp Glu Ile Lys
 115 120 125
 Tyr His Gln Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala
 130 135 140
 Asp Ser His Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala
 145 150 155 160
 His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn
 165 170 175
 Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Glu Ala Phe Val Glu Val
 180 185 190
 Tyr Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser Asn Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp
 195 200 205
 Ala Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Phe Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu
 210 215 220
 Asn Leu Ile Lys His Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Asn Leu Val Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Ser
 245 250 255
 Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Glu Leu Ile Gly Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Asp Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser
 290 295 300
 Gly Ile Leu Thr Val Ala Asp Asn Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asn Glu His Gln Val Asp Leu Lys Lys Leu
 325 330 335
 Lys Glu Phe Ile Lys Asn Asn Ala Ser Asp Lys Tyr Asp Glu Ile Phe
 340 345 350
 Asn Asp Lys Asp Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val

355 360 365
 Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Thr Leu Ser Lys Ile
 370 375 380
 Asp Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Ala

 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Ala Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala
 450 455 460
 Trp Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp
 465 470 475 480
 Glu Ile Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met

 485 490 495
 Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Val Tyr Glu Thr Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Ser Asn Phe Phe Asp Ala Asn Met
 530 535 540
 Lys Gln Glu Ile Phe Glu His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr

 545 550 555 560
 Lys Asp Lys Phe Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Pro Glu Tyr Arg
 565 570 575
 Ile Gln Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe
 595 600 605

Leu Asp Asp Lys Thr Asn Glu Thr Ile Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr

610

615

620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Asp Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys

625

630

635

640

Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Pro Gln Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg

645

650

655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile

660

665

670

Arg Asn Lys Glu Asn Gly Lys Ser Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

675

680

685

Gly Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Ser Asp Asp Thr Leu

690

695

700

Pro Phe Lys Gln Ile Ile Lys Asp Ala Gln Ile Ile Gly Asp Ile Asp

705

710

715

720

Asp Val Thr Ser Val Val Arg Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys

725

730

735

Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val

740

745

750

Met Gly His Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn

755

760

765

Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Asn Gln Ser Gln Gln Arg Leu Lys Lys

770

775

780

Leu Gln Asp Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Gly Lys Val Glu Asn

785

790

795

800

Asn His Leu Gln Asp Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly

805

810

815

Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu Ser Asp

820

825

830

Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser

835

840

845

Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser

850 855 860
 Asp Asp Val Pro Ser Leu Asp Ile Val His Asp Arg Lys Ala Asp Trp

 865 870 875 880
 Ile Arg Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Asn Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Arg Asp Glu Asn Asp

 930 935 940
 Lys Val Ile Arg Asn Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Gln Phe Arg Lys Asp Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr
 980 985 990
 Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly

 995 1000 1005
 Glu Tyr Lys Lys Tyr Asp Ile Ser Gly Asp Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Arg Val Ile
 1025 1030 1035
 Arg Tyr Ser Asn Gly Lys Val Val Val Arg Pro Val Ile Glu Cys
 1040 1045 1050
 Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Gln Thr Asp Phe

 1055 1060 1065
 Glu Lys Val Arg Arg Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn Ile Val
 1070 1075 1080
 Lys Lys Val Glu Thr Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile
 1085 1090 1095

Leu Pro	Lys Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile Pro Arg	Lys Thr Lys
1100	1105	1110	
Lys Phe	Arg Trp Asp Thr Pro	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1115	1120	1125	
Asn Ile	Ala Tyr Ser Val Phe	Val Ile Ala Asp Val	Glu Lys Gly
1130	1135	1140	
Lys Ala	Lys Lys Leu Lys Thr	Val Lys Glu Leu Val	Gly Ile Ser
1145	1150	1155	
Ile Met	Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Glu Asn Pro Val	Val Phe Leu
1160	1165	1170	
Glu Lys	Lys Gly Tyr Gln Asn	Val Gln Glu Asp Asn	Leu Ile Lys
1175	1180	1185	
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Phe Glu Gly Gly	Arg Arg Arg
1190	1195	1200	
Leu Leu	Ala Ser Ala Ser Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Val Val
1205	1210	1215	
Leu Ser	Arg His Leu Val Glu	Leu Leu Tyr His Ala	His Arg Val
1220	1225	1230	
Asn Ser	Phe Asn Asn Ser Glu	His Leu Lys Tyr Val	Ser Glu His
1235	1240	1245	
Lys Lys	Glu Phe Gly Glu Val	Leu Ser Cys Val Glu	Asn Phe Ala
1250	1255	1260	
Lys Ser	Tyr Val Asp Val Glu	Lys Asn Leu Gly Lys	Ile Arg Ala
1265	1270	1275	
Val Ala	Asp Lys Ile Asp Thr	Phe Ser Ile Glu Asp	Ile Ser Ile
1280	1285	1290	
Ser Phe	Val Asn Leu Leu Thr	Leu Thr Ala Leu Gly	Ala Pro Ala
1295	1300	1305	
Asp Phe	Asn Phe Leu Gly Glu	Lys Ile Pro Arg Lys	Arg Tyr Thr
1310	1315	1320	
Ser Thr	Lys Glu Cys Leu Asn	Ala Thr Leu Ile His	Gln Ser Ile

1325 1330 1335
 Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu
 1340 1345 1350
 Glu

<210> 128

<211> 1355

<212> PRT

<

213> Streptococcus gallolyticus

<400> 128

Met Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser
 1 5 10 15
 Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys
 20 25 30
 Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu
 35 40 45
 Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg

50 55 60
 Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu
 65 70 75 80
 Arg Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Asn Glu Ile Ala Lys Val Asp Glu
 85 90 95
 Ser Phe Phe Gln Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys
 100 105 110
 Thr Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala

115 120 125
 Tyr His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala
 130 135 140
 Asp Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala
 145 150 155 160
 His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn
 165 170 175

Ala Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Phe Val Gly Val

180 185 190

Tyr Asn Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp

195 200 205

Val Ala Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu

210 215 220

Asn Leu Ile Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly

225 230 235 240

Asn Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn

245 250 255

Phe Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr

260 265 270

Glu Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala

275 280 285

Asp Leu Phe Thr Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser

290 295 300

Gly Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala

305 310 315 320

Ser Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu

325 330 335

Lys Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Ser Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe

340 345 350

Lys Asp Lys Asn Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val

355 360 365

Lys Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Ile Leu Ser Lys Ile

370 375 380

Lys Ile Asp Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp

385 390 395 400

Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln

405 410 415

Ile His Leu Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr

420 425 430
Tyr Pro Phe Leu Lys Glu Lys Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr

435 440 445
Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Val Arg Lys Asp Ser Arg

450 455 460

Phe Ala Trp Ala Glu Tyr Arg Ser Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn

465 470 475 480

Phe Asp Lys Val Ile Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr

485 490 495

Arg Met Thr Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro

500 505 510
Lys His Ser His Val Tyr Glu Thr Tyr Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Ile Lys Tyr Val Asn Glu Gln Gly Lys Glu Ser Phe Phe Asp Ser

530 535 540

Asn Met Lys Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys

545 550 555 560

Val Thr Lys Glu Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Pro Glu

565 570 575
Tyr Arg Ile Lys Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ser Phe

580 585 590

Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys

595 600 605

Ala Phe Leu Asp Asp Lys Val Asn Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Ile

610 615 620

Lys Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Lys Asp Met Ile His Glu Arg Leu

625 630 635 640

Gln Lys Tyr Ser Asp Ile Phe Thr Ala Asn Gln Leu Lys Lys Leu Glu

645 650 655

Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn

660 665 670

Gly Ile Arg Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile
675 680 685
Asp Asp Gly Ser Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp
690 695 700
Thr Leu Pro Phe Lys Gln Ile Ile Gln Lys Ser Gln Val Val Gly Asp
705 710 715 720
Val Asp Asp Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala
725 730 735
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750
Lys Val Met Gly Gly Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg
755 760 765
Glu Asn Gln Thr Thr Asn Arg Gly Arg Ser Gln Ser Gln Gln Arg Leu
770 775 780
Lys Lys Leu Gln Asn Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Ile Glu Asp Lys Val
785 790 795 800
Glu Asn Ser His Leu Gln Asn Asp Gln Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln
805 810 815
Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Asp Ile Asp His Leu
820 825 830
Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp
835 840 845
Asp Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly
850 855 860
Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Asp Ile Val Arg Ala Arg Lys Ala
865 870 875 880
Glu Trp Val Arg Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe
885 890 895
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys
900 905 910
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys

915	920	925	
His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu His Asp Glu			
930	935	940	
Asn Asp Lys Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn			
945	950	955	960
Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Phe Glu Phe Tyr Lys Val Arg Glu			
965	970	975	
Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val			
980	985	990	
Gly Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val			
995	1000	1005	
Tyr Gly Glu Tyr Lys Lys Tyr Asp Ile Ser Ser Asp Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Thr			
1025	1030	1035	
Lys Val Lys Tyr Ala Asp Gly Thr Val Phe Glu Arg Pro Ile Ile			
1040	1045	1050	
Glu Thr Asn Ala Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Gln Ile Asp			
1055	1060	1065	
Phe Glu Lys Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn Ile			
1070	1075	1080	
Val Lys Lys Val Glu Thr Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser			
1085	1090	1095	
Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys Thr			
1100	1105	1110	
Lys Lys Val Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser			
1115	1120	1125	
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Phe Val Val Ala Asp Val Glu Lys			
1130	1135	1140	
Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Leu Val Gly Ile			
1145	1150	1155	

Ser Ile Met Glu Arg Ser Phe Phe Glu Glu Asn Pro Val Glu Phe
1160 1165 1170

Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His Asn Ile Arg Glu Asp Lys Leu Ile
1175 1180 1185

Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe Glu Gly Gly Arg Arg
1190 1195 1200

Arg Leu Leu Ala Ser Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Met
1205 1210 1215

Val Leu Pro Gly Tyr Leu Val Glu Leu Leu Tyr His Ala His Arg
1220 1225 1230

Ala Asp Asn Phe Asn Ser Thr Glu Tyr Leu Asn Tyr Val Ser Glu
1235 1240 1245

His Lys Lys Glu Phe Glu Lys Val Leu Ser Cys Val Glu Asp Phe
1250 1255 1260

Ala Asn Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Leu Ser Lys Ile Arg
1265 1270 1275

Ala Val Ala Asp Ser Met Asp Asn Phe Ser Ile Glu Glu Ile Ser
1280 1285 1290

Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Pro
1295 1300 1305

Ala Asp Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg Lys Arg Tyr
1310 1315 1320

Thr Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
1325 1330 1335

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly
1340 1345 1350

Glu Glu
1355

<210> 129

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus infantarius

<400> 129

Met Glu Lys Ser Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Val Thr Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Lys Glu Met Thr Lys Val Asp Glu Ser
85 90 95

Phe Phe Gln Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Thr
100 105 110

Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr
115 120 125

His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Tyr Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Gln Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala
165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Asn Val Phe Val Glu Thr Tyr
180 185 190

Asp Lys Ile Val Asp Glu Ser His Leu Ser Glu Ile Glu Val Asp Ala
195 200 205

Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
210 215 220

Leu Ile Lys Gln Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270

 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Val Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ile Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Val Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys
 325 330 335

 Glu Phe Ile Lys Ile Asn Lys Leu Lys Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys
 340 345 350
 Asp Lys Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Asn Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Thr Lys Ile Asp
 370 375 380
 Asp Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Asp Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400

 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ser Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Ala Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asp Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460

 Ala Asn Tyr His Ser Asp Glu Pro Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Val Val Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr

485	490	495
Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser		
500	505	510
His Val Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys		
515	520	525
Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ser Phe Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys		
530	535	540
Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys		
545	550	555
Ala Lys Leu Leu Ser Tyr Leu Asn Asn Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile		
565	570	575
Asn Asp Leu Ile Gly Leu Asp Lys Asp Ser Lys Ser Phe Asn Ala Ser		
580	585	590
Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu		
595	600	605
Asp Asp Lys Thr Asn Gly Gln Ile Ile Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu		
610	615	620
Thr Leu Phe Glu Asp Arg Asp Met Ile His Glu Arg Leu Gln Lys Tyr		
625	630	635
Ser Asp Phe Phe Thr Ser Gln Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His		
645	650	655
Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg		
660	665	670
Asn Lys Glu Asn Asn Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Ile Asp Asp Gly		
675	680	685
His Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Glu Ser Leu Ser		
690	695	700
Phe Lys Thr Ile Ile Gln Glu Ala Gln Val Val Gly Asp Val Asp Asp		
705	710	715
Ile Glu Ala Val Val His Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys		
725	730	735

Gly Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
740 745 750

Gly Asp Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Thr Thr Gly Tyr Gly Arg Asn Lys Ser Asn Gln Arg Leu Lys Arg Leu
770 775 780

Gln Asp Ser Leu Lys Pro Ser Tyr Val Asp Ser Lys Val Glu Asn Ser
785 790 795 800

His Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys
805 810 815

Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Arg Leu Ser Asp Tyr
820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Ile
835 840 845

Asp Asn Lys Val Leu Thr Ser Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp
850 855 860

Asp Val Pro Ser Ile Glu Ile Val Arg Asn Arg Arg Ser Tyr Trp Tyr
865 870 875 880

Lys Leu Tyr Lys Ser Gly Leu Ile Ser Lys Arg Lys Phe Asp Asn Leu
885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Gly Phe
900 905 910

Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala
915 920 925

Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Lys Arg Asp Glu Asn Asp Lys
930 935 940

Val Ile Arg Asp Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser
945 950 955 960

Gln Phe Arg Lys Glu Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp
965 970 975

Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala

980	985	990
Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu	Thr Pro Glu Phe Val	Tyr Gly Glu
995	1000	1005
Tyr Lys Lys Tyr Asp Val Ser	Ser Asp Asp Tyr Ser	Glu Met Gly
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser Asn Leu	Met Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Thr Glu Val Lys Tyr	Ala Asp Gly Arg Val	Phe Glu Arg
1040	1045	1050
Pro Asp Ile Glu Thr Asn Ala	Asp Gly Glu Val Val	Trp Asn Lys
1055	1060	1065
Gln Lys Asp Phe Asp Ile Val	Arg Lys Val Leu Ser	Tyr Pro Gln
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Val	Glu Ala Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Ser Lys	Gly Asp Ser Asp Lys	Leu Ile Pro
1100	1105	1110
Arg Lys Thr Lys Lys Val Tyr	Trp Asn Thr Lys Lys	Tyr Gly Gly
1115	1120	1125
Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala	Tyr Ser Val Leu Val	Val Ala Asp
1130	1135	1140
Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys	Lys Leu Lys Thr Val	Lys Glu Leu
1145	1150	1155
Val Gly Ile Ser Ile Met Glu	Arg Ser Phe Phe Glu	Glu Asn Pro
1160	1165	1170
Val Ser Phe Leu Glu Lys Lys	Gly Tyr His Asn Val	Gln Glu Asp
1175	1180	1185
Lys Leu Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu Phe Glu	Phe Glu Gly
1190	1195	1200
Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Thr Glu Leu	Gln Lys Gly
1205	1210	1215

Asn Glu Val Met Leu Pro Ala His Leu Val Glu Leu Leu Tyr His
1220 1225 1230

Ala His Arg Ile Asp Ser Phe Asn Ser Thr Glu His Leu Lys Tyr
1235 1240 1245

Val Ser Glu His Lys Lys Glu Phe Glu Lys Val Leu Ser Cys Val
1250 1255 1260

Glu Asn Phe Ser Asn Leu Tyr Val Asp Val Glu Lys Asn Leu Ser
1265 1270 1275

Lys Val Arg Ala Ala Ala Glu Ser Met Thr Asn Phe Ser Leu Glu
1280 1285 1290

Glu Ile Ser Ala Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Leu Thr Ala Leu
1295 1300 1305

Gly Ala Pro Ala Asp Phe Asn Phe Leu Gly Glu Lys Ile Pro Arg
1310 1315 1320

Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Cys Leu Ser Ala Thr Leu Ile
1325 1330 1335

His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser
1340 1345 1350

Lys Leu Gly Glu Glu
1355

<210> 130

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus iniae

<400> 130

Met Arg Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Arg Ile Gln Gly Thr Thr Asp Arg Thr Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Asn Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50	55	60	
Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Tyr Arg Ile Lys			
65	70	75	80
Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ser Ser Glu Met Asn Glu Leu Asp Ile Ala			
	85	90	95
Phe Phe Pro Arg Leu Ser Glu Ser Phe Leu Val Ser Asp Asp Lys Glu			
	100	105	110
Phe Glu Asn His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Lys Asp Glu Ile Thr Tyr			
	115	120	125
His Asn Asp Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Thr Leu Ala Asp			
	130	135	140
Ser Asp Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asn Leu Asp Ser			
	165	170	175
Glu Asn Thr Asp Val His Val Leu Phe Leu Asn Leu Val Asn Ile Tyr			
	180	185	190
Asn Asn Leu Phe Glu Glu Asp Val Glu Thr Ala Ser Ile Asp Ala Glu			
	195	200	205
Lys Ile Leu Thr Ser Lys Thr Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
	210	215	220
Ile Ala Glu Ile Pro Asn Gln Lys Arg Asn Met Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Val Ser Leu Ala Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe Glu			
	245	250	255
Leu Leu Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Ser Lys Asp Ser Tyr Glu Glu			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Ile Ala Ala Lys Lys Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300

Ile Thr Val Lys Gly Ala Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320
Val Gln Arg Tyr Glu Glu His Gln Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Asn
325 330 335
Leu Val Lys Lys Gln Ile Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Asp Asn
340 345 350

Lys Glu Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Ser Gln
355 360 365
Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Leu Lys Leu Asp Gly
370 375 380
Thr Glu Lys Leu Ile Ser Lys Leu Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Asn
405 410 415

Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Glu Lys Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430
Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Lys Leu Phe Thr Phe Lys Ile Pro
435 440 445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Ser Phe Ala Trp Leu
450 455 460
Lys Arg Gln Ser Asn Glu Ser Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Gln Glu Ala Ser Ala Arg Ala Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495
Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Pro
500 505 510
Leu Tyr Glu Met Phe Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525
Gln Thr Glu Gly Met Lys Arg Pro Val Phe Leu Ser Ser Glu Asp Lys
530 535 540

Glu Glu Ile Val Asn Leu Leu Phe Lys Lys Glu Arg Lys Val Thr Val

545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Glu Tyr Phe Ser Lys Met Lys Cys Phe His Thr
 565 570 575
 Val Thr Ile Leu Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Phe Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asp
 595 600 605

 Glu Ala Asn Gln Asp Ile Leu Glu Glu Ile Val Trp Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Gln Ala Met Ile Glu Arg Arg Leu Val Lys Tyr Ala Asp
 625 630 635 640
 Val Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Lys Leu Ile Asn Gly Ile Lys Asp Lys
 660 665 670

 Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Gly Phe Leu Lys Asp Gly Val Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp Phe Ala Lys
 690 695 700
 Ile Ile Lys Asn Glu Gln Glu Lys Thr Ile Lys Asn Glu Ser Leu Glu
 705 710 715 720
 Glu Thr Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735

 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Lys Ile Met Gly Gln
 740 745 750
 Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Ser Thr
 755 760 765
 Met Gln Gly Ile Lys Asn Ser Arg Gln Arg Leu Arg Lys Leu Glu Glu
 770 775 780
 Val His Lys Asn Thr Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Asn Val Ser
 785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Ser Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln Asp
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu Leu Asp Tyr Asp Asn Leu Ser
 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asn
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Thr Val Leu Thr Thr Gln Ala Ser Asn Arg Gly Lys
 850 855 860

 Ser Asp Asn Val Pro Asn Ile Glu Thr Val Asn Lys Met Lys Ser Phe
 865 870 875 880
 Trp Tyr Lys Gln Leu Lys Ser Gly Ala Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Ala Leu Ser Asp Phe Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925

 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Ser Asn Leu Thr Glu Asp
 930 935 940
 Ser Lys Ser Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Met
 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Phe Tyr Lys Leu Arg Glu Val
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990

 Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys His Tyr Asp Leu Pro Asp Ser Ser Leu Gly Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Thr Arg Met Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Glu Ile Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ile Phe Thr Arg Pro

1040	1045	1050
Gln Ile Glu Val Asn Thr Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Val Lys Asp Met Gln Thr Ile Arg Lys Val Met Ser Tyr Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Met Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Trp Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Ser Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Ile Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ile Ala Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Thr Gln Lys Leu Lys Thr Ile Lys Glu Leu Val Gly Ile		
1145	1150	1155
Lys Ile Met Glu Gln Asp Glu Phe Glu Lys Asp Pro Ile Ala Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Thr Ser Ser Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Leu Leu Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu		
1205	1210	1215
Pro Asn Lys Tyr Val Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Thr		
1220	1225	1230
Lys Phe Thr Gly Lys Glu Glu Asp Arg Glu Lys Lys Arg Ser Tyr		
1235	1240	1245
Val Glu Ser His Leu Tyr Tyr Phe Asp Glu Ile Met Gln Ile Ile		
1250	1255	1260
Val Glu Tyr Ser Asn Arg Tyr Ile Leu Ala Asp Ser Asn Leu Ile		
1265	1270	1275

Lys Ile Gln Asn Leu Tyr Lys Glu Lys Asp Asn Phe Ser Ile Glu
1280 1285 1290

Glu Gln Ala Ile Asn Met Leu Asn Leu Phe Thr Phe Thr Asp Leu
1295 1300 1305

Gly Ala Pro Ser Ala Phe Lys Phe Phe Asn Gly Asp Ile Asp Arg
1310 1315 1320

Lys Arg Tyr Ser Ser Thr Asn Glu Ile Ile Asn Ser Thr Leu Ile
1325 1330 1335

Tyr Gln Ser Pro Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser
1340 1345 1350

Lys Leu Gly Gly Lys
1355

<210> 131

<211> 1263

<212> PRT

<213> Streptococcus iniae

<220><221> misc_feature

<222> (1257)..(1257)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 131

Met Arg Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Arg Ile Gln Gly Thr Thr Asp Arg Thr Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Asn Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Tyr Arg Ile Lys

65 70 75 80

Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ser Ser Glu Met Asn Glu Leu Asp Ile Ala

85 90 95

Phe Phe Pro Arg Leu Ser Glu Ser Phe Leu Val Ser Asp Asp Lys Glu

100 105 110

Phe Glu Asn His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Lys Asp Glu Ile Thr Tyr

115 120 125

His Asn Asp Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Thr Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Asp Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asn Leu Asp Ser

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val His Val Leu Phe Leu Asn Leu Val Asn Ile Tyr

180 185 190

Asn Asn Leu Phe Glu Glu Asp Val Glu Thr Ala Ser Ile Asp Ala Glu

195 200 205

Lys Ile Leu Thr Ser Lys Thr Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ala Glu Ile Pro Asn Gln Lys Arg Asn Met Leu Phe Gly Asn Leu

225 230 235 240

Val Ser Leu Ala Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe Glu

245 250 255

Leu Leu Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Ser Lys Asp Ser Tyr Glu Glu

260 265 270

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

275 280 285

Phe Ile Ala Ala Lys Lys Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290 295 300

Ile Thr Val Lys Gly Ala Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

305 310 315 320

Val Gln Arg Tyr Glu Glu His Gln Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Asn

325 330 335

Leu Val Lys Lys Gln Ile Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Asp Asn

340 345 350
Lys Glu Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Ser Gln

355 360 365
Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Leu Lys Leu Asp Gly

370 375 380
Thr Glu Lys Leu Ile Ser Lys Leu Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys

385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Asn

405 410 415
Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Glu Lys Phe Tyr Pro Phe Leu

420 425 430
Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Lys Leu Phe Thr Phe Lys Ile Pro

435 440 445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Ser Phe Ala Trp Leu

450 455 460
Lys Arg Gln Ser Asn Glu Ser Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

465 470 475 480
Val Asp Gln Glu Ala Ser Ala Arg Ala Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn

485 490 495
Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Pro

500 505 510
Leu Tyr Glu Met Phe Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

515 520 525
Gln Thr Glu Gly Met Lys Arg Pro Val Phe Leu Ser Ser Glu Asp Lys

530 535 540
Glu Glu Ile Val Asn Leu Leu Phe Lys Lys Glu Arg Lys Val Thr Val

545 550 555 560
Lys Gln Leu Lys Glu Glu Tyr Phe Ser Lys Met Lys Cys Phe His Thr

565 570 575
Val Thr Ile Leu Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Phe Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asp
 595 600 605
 Glu Ala Asn Gln Asp Ile Leu Glu Glu Ile Val Trp Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Gln Ala Met Ile Glu Arg Arg Leu Val Lys Tyr Ala Asp
 625 630 635 640
 Val Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Lys Leu Ile Asn Gly Ile Lys Asp Lys
 660 665 670
 Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Gly Phe Leu Lys Asp Gly Val Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp Phe Ala Lys
 690 695 700
 Ile Ile Lys Asn Glu Gln Glu Lys Thr Ile Lys Asn Glu Ser Leu Glu
 705 710 715 720
 Glu Thr Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Lys Ile Met Gly Gln
 740 745 750
 Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Ser Thr
 755 760 765
 Met Gln Gly Ile Lys Asn Ser Arg Gln Arg Leu Arg Lys Leu Glu Glu
 770 775 780
 Val His Lys Asn Thr Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Asn Val Ser
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Ser Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln Asp
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu Leu Asp Tyr Asp Asn Leu Ser
 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asn

835	840	845	
Ser Ile Asp Asn Thr Val Leu Thr Thr Gln Ala Ser Asn Arg Gly Lys			
850	855	860	
Ser Asp Asn Val Pro Asn Ile Glu Thr Val Asn Lys Met Lys Ser Phe			
865	870	875	880
Trp Tyr Lys Gln Leu Lys Ser Gly Ala Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp			
885	890	895	
His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Ala Leu Ser Asp Phe Asp Lys Ala			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Ser Asn Leu Thr Glu Asp			
930	935	940	
Ser Lys Ser Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Met			
945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Phe Tyr Lys Leu Arg Glu Val			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Ala Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
980	985	990	
Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Asp Tyr Lys His Tyr Asp Leu Pro Asp Ser Ser Leu Gly Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Thr Arg Met Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Glu Ile Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ile Phe Thr Arg Pro			
1040	1045	1050	
Gln Ile Glu Val Asn Thr Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys			
1055	1060	1065	
Val Lys Asp Met Gln Thr Ile Arg Lys Val Met Ser Tyr Pro Gln			
1070	1075	1080	

Val Asn Ile Val Met Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Trp Pro Lys	Gly Asp Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Ser Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Ile Ile Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Ile Ala Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Thr Gln Lys Leu Lys	Thr Ile Lys Glu Leu	Val Gly Ile
1145	1150	1155
Lys Ile Met Glu Gln Asp Glu	Phe Glu Lys Asp Pro	Ile Ala Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln	Asp Ile Gln Thr Ser	Ser Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Leu Leu Ala Ser Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu
1205	1210	1215
Pro Asn Lys Tyr Val Lys Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Thr
1220	1225	1230
Lys Phe Thr Gly Lys Glu Glu	Asp Arg Glu Lys Lys	Arg Ser Tyr
1235	1240	1245
Val Glu Ser His Leu Tyr Tyr	Phe Xaa Glu Val Lys	Ser Ser Phe
1250	1255	1260

<210> 132

<211> 1257

<212> PRT

<213> Streptococcus iniae

<220><221> misc_feature

<222> (1255)..(1255)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> misc_feature

<222> (1257)..(1257)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 132

Met Arg Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30
Arg Ile Gln Gly Thr Thr Asp Arg Thr Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Asn Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60
Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Tyr Arg Ile Lys

65 70 75 80
Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ser Ser Glu Met Asn Glu Leu Asp Ile Ala

85 90 95
Phe Phe Pro Arg Leu Ser Glu Ser Phe Leu Val Ser Asp Asp Lys Glu

100 105 110
Phe Glu Asn His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Lys Asp Glu Ile Thr Tyr

115 120 125
His Asn Asp Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Thr Leu Ala Asp

130 135 140
Ser Asp Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asn Leu Asp Ser

165 170 175
Glu Asn Thr Asp Val His Val Leu Phe Leu Asn Leu Val Asn Ile Tyr

180 185 190
Asn Asn Leu Phe Glu Glu Asp Val Glu Thr Ala Ser Ile Asp Ala Glu

195 200 205
Lys Ile Leu Thr Ser Lys Thr Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220

Ile Ala Glu Ile Pro Asn Gln Lys Arg Asn Met Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Val Ser Leu Ala Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe Glu
 245 250 255
 Leu Leu Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Ser Lys Asp Ser Tyr Glu Glu
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Ile Ala Ala Lys Lys Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Ile Thr Val Lys Gly Ala Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Val Gln Arg Tyr Glu Glu His Gln Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Asn
 325 330 335
 Leu Val Lys Lys Gln Ile Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Asp Asn
 340 345 350
 Lys Glu Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Leu Lys Leu Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Lys Leu Ile Ser Lys Leu Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Asn
 405 410 415
 Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Glu Lys Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Lys Leu Phe Thr Phe Lys Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Ser Phe Ala Trp Leu
 450 455 460
 Lys Arg Gln Ser Asn Glu Ser Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

465 470 475 480
 Val Asp Gln Glu Ala Ser Ala Arg Ala Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Pro
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Met Phe Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

 515 520 525
 Gln Thr Glu Gly Met Lys Arg Pro Val Phe Leu Ser Ser Glu Asp Lys
 530 535 540
 Glu Glu Ile Val Asn Leu Leu Phe Lys Lys Glu Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Glu Tyr Phe Ser Lys Met Lys Cys Phe His Thr
 565 570 575
 Val Thr Ile Leu Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Phe Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asp
 595 600 605
 Glu Ala Asn Gln Asp Ile Leu Glu Glu Ile Val Trp Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Gln Ala Met Ile Glu Arg Arg Leu Val Lys Tyr Ala Asp
 625 630 635 640
 Val Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Arg His Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Lys Leu Ile Asn Gly Ile Lys Asp Lys
 660 665 670
 Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Gly Phe Leu Lys Asp Gly Val Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp Phe Ala Lys
 690 695 700
 Ile Ile Lys Asn Glu Gln Glu Lys Thr Ile Lys Asn Glu Ser Leu Glu

 705 710 715 720

Glu Thr Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Lys Ile Met Gly Gln
 740 745 750
 Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Ser Thr
 755 760 765
 Met Gln Gly Ile Lys Asn Ser Arg Gln Arg Leu Arg Lys Leu Glu Glu
 770 775 780
 Val His Lys Asn Thr Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Asn Val Ser
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Ser Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln Asp
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu Leu Asp Tyr Asp Asn Leu Ser
 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asn
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Thr Val Leu Thr Thr Gln Ala Ser Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Asn Ile Glu Thr Val Asn Lys Met Lys Ser Phe
 865 870 875 880
 Trp Tyr Lys Gln Leu Lys Ser Gly Ala Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Ala Leu Ser Asp Phe Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Ser Asn Leu Thr Glu Asp
 930 935 940
 Ser Lys Ser Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Met
 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Phe Tyr Lys Leu Arg Glu Val

965	970	975
Asn Asp Tyr His His Ala Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly		
980	985	990
Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe Val Tyr		
995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys His Tyr Asp Leu Pro Asp Ser Ser Leu Gly Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Thr Arg Met Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Glu Ile Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ile Phe Thr Arg Pro		
1040	1045	1050
Gln Ile Glu Val Asn Thr Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		
1055	1060	1065
Val Lys Asp Met Gln Thr Ile Arg Lys Val Met Ser Tyr Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Met Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Trp Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Ser Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Ile Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ile Ala Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Thr Gln Lys Leu Lys Thr Ile Lys Glu Leu Val Gly Ile		
1145	1150	1155
Lys Ile Met Glu Gln Asp Glu Phe Glu Lys Asp Pro Ile Ala Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Thr Ser Ser Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200

Arg Leu Leu Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu

1205 1210 1215

Pro Asn Lys Tyr Val Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Thr

1220 1225 1230

Lys Phe Thr Gly Lys Glu Glu Asp Arg Glu Lys Lys Arg Ser Tyr

1235 1240 1245

Val Glu Ser His Leu Tyr Xaa Phe Xaa

1250 1255

<210> 133

<211> 199

<212> PRT

<213> Streptococcus iniae

<400> 133

Met Glu Gln Asp Glu Phe Glu Lys Asp Pro Ile Ala Phe Leu Glu Lys

1 5 10 15

Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Thr Ser Ser Ile Ile Lys Leu Pro Lys

20 25 30

Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser

35 40 45

Lys Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Asn Lys Tyr Val

50 55 60

Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Thr Lys Phe Thr Gly Lys Glu

65 70 75 80

Glu Asp Arg Glu Lys Lys Arg Ser Tyr Val Glu Ser His Leu Tyr Tyr

85 90 95

Phe Asp Glu Ile Met Gln Ile Ile Val Glu Tyr Ser Asn Arg Tyr Ile

100 105 110

Leu Ala Asp Ser Asn Leu Ile Lys Ile Gln Asn Leu Tyr Lys Glu Lys

115 120 125

Asp Asn Phe Ser Ile Glu Glu Gln Ala Ile Asn Met Leu Asn Leu Phe

130 135 140

Thr Phe Thr Asp Leu Gly Ala Pro Ser Ala Phe Lys Phe Phe Asn Gly
 145 150 155 160
 Asp Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Ser Ser Thr Asn Glu Ile Ile Asn Ser
 165 170 175
 Thr Leu Ile Tyr Gln Ser Pro Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 180 185 190
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Lys
 195

<210> 134

<211> 1271

<212> PRT

<213> Streptococcus iniae

<400> 134

Met Arg Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Ile Gln Gly Thr Thr Asp Arg Thr Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Asn Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60
 Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Tyr Arg Ile Lys
 65 70 75 80
 Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ser Ser Glu Met Asn Glu Leu Asp Ile Ala
 85 90 95
 Phe Phe Pro Arg Leu Ser Glu Ser Phe Leu Val Ser Asp Asp Lys Glu
 100 105 110
 Phe Glu Asn His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Lys Asp Glu Ile Thr Tyr

115 120 125
 His Asn Asp Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Thr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Asp Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asn Leu Asp Ser
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asp Val His Val Leu Phe Leu Asn Leu Val Asn Ile Tyr

 180 185 190
 Asn Asn Leu Phe Glu Glu Asp Val Glu Thr Ala Ser Ile Asp Ala Glu
 195 200 205
 Lys Ile Leu Thr Ser Lys Thr Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Glu Ile Pro Asn Gln Lys Arg Asn Met Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Val Ser Leu Ala Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe Glu

 245 250 255
 Leu Leu Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Ser Lys Asp Ser Tyr Glu Glu
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Ile Ala Ala Lys Lys Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Ile Thr Val Lys Gly Ala Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

 305 310 315 320
 Val Gln Arg Tyr Glu Glu His Gln Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Asn
 325 330 335
 Leu Val Lys Lys Gln Ile Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Asp Asn
 340 345 350
 Lys Glu Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Leu Lys Leu Asp Gly

 370 375 380
 Thr Glu Lys Leu Ile Ser Lys Leu Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
 385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Asn
405 410 415

Glu Leu Lys Ala Ile Ile Arg Arg Gln Glu Lys Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Lys Leu Phe Thr Phe Lys Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Ser Phe Ala Trp Leu
450 455 460

Lys Arg Gln Ser Asn Glu Ser Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Gln Glu Ala Ser Ala Arg Ala Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Pro
500 505 510

Leu Tyr Glu Met Phe Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Gln Thr Glu Gly Met Lys Arg Pro Val Phe Leu Ser Ser Glu Asp Lys
530 535 540

Glu Glu Ile Val Asn Leu Leu Phe Lys Lys Glu Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Glu Tyr Phe Ser Lys Met Lys Cys Phe His Thr
565 570 575

Val Thr Ile Leu Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Phe Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asp
595 600 605

Glu Ala Asn Gln Asp Ile Leu Glu Glu Ile Val Trp Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Gln Ala Met Ile Glu Arg Arg Leu Val Lys Tyr Ala Asp
625 630 635 640

Val Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Arg His Tyr Thr

645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Lys Leu Ile Asn Gly Ile Lys Asp Lys
 660 665 670
 Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Gly Phe Leu Lys Asp Gly Val Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp Phe Ala Lys

 690 695 700
 Ile Ile Lys Asn Glu Gln Glu Lys Thr Ile Lys Asn Glu Ser Leu Glu
 705 710 715 720
 Glu Thr Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Lys Ile Met Gly Gln
 740 745 750
 Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Ser Thr

 755 760 765
 Met Gln Gly Ile Lys Asn Ser Arg Gln Arg Leu Arg Lys Leu Glu Glu
 770 775 780
 Val His Lys Asn Thr Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Asn Val Ser
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Ser Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln Asp
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu Leu Asp Tyr Asp Asn Leu Ser

 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asn
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Thr Val Leu Thr Thr Gln Ala Ser Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Asn Ile Glu Thr Val Asn Lys Met Lys Ser Phe
 865 870 875 880
 Trp Tyr Lys Gln Leu Lys Ser Gly Ala Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp

 885 890 895

His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Ala Leu Ser Asp Phe Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Ser Asn Leu Thr Glu Asp
 930 935 940
 Ser Lys Ser Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys Met

 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Phe Tyr Lys Leu Arg Glu Val
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys His Tyr Asp Leu Pro Asp Ser Ser Leu Gly Lys

 1010 1015 1020
 Ala Thr Thr Arg Met Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Glu Ile Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ile Phe Thr Arg Pro
 1040 1045 1050
 Gln Ile Glu Val Asn Thr Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Val Lys Asp Met Gln Thr Ile Arg Lys Val Met Ser Tyr Pro Gln

 1070 1075 1080
 Val Asn Ile Val Met Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Trp Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Ser Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Ile Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Ile Ala Lys

1130 1135 1140
 Gly Lys Thr Gln Lys Leu Lys Thr Ile Lys Glu Leu Val Gly Ile
 1145 1150 1155
 Lys Ile Met Glu Gln Asp Glu Phe Glu Lys Asp Pro Ile Ala Phe
 1160 1165 1170
 Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Thr Ser Ser Ile Ile
 1175 1180 1185
 Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys

1190 1195 1200
 Arg Leu Leu Ala Ser Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu
 1205 1210 1215
 Pro Asn Lys Tyr Val Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Thr
 1220 1225 1230
 Lys Phe Thr Gly Lys Glu Glu Asp Arg Glu Lys Lys Arg Ser Tyr
 1235 1240 1245
 Val Glu Ser His Leu Tyr Tyr Phe Asp Val Arg Leu Ser Gln Val

1250 1255 1260
 Phe Arg Val Thr Asn Val Glu Phe
 1265 1270

<210> 135

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus intermedius

<400> 135

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60

305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ser Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Arg His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Asn Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805	810	815	
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr			
820	825	830	
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys			
835	840	845	
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	

Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr

1055

1060

1065

Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly

1070

1075

1080

Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu

1085

1090

1095

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr

1100

1105

1110

Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile

1115

1120

1125

Ala Asn Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Leu Val Lys

1130

1135

1140

Asp Leu Val Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Thr Ile Phe Glu Lys

1145

1150

1155

Asn Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln

1160

1165

1170

Glu Glu Asn Ile Val Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu

1175

1180

1185

Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln

1190

1195

1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Met Leu

1205

1210

1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220

1225

1230

Asp Tyr Val Lys Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235

1240

1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Asn Ile Leu Ala Glu Ser Asn

1250

1255

1260

Leu Glu Lys Ile Glu Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Asn Lys Asp

1265

1270

1275

Ile Thr Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Asn Asn Ile

1295 1300 1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335
Leu Ser Arg Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 136
<211> 1333
<212> PRT
<213> Streptococcus massiliensis
<400> 136

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Met Glu Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Val Glu Arg Arg Leu

50 55 60
Asn Arg Thr Thr Ser Arg Arg Tyr Asp Arg Arg Arg Asn Arg Ile Arg

65 70 75 80
Tyr Leu Gln His Ile Phe Ala Glu Glu Met Asn Arg Ala Asp Glu Asn

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Lys Glu Ser Phe Phe Val Glu Glu Asp Lys Thr

100 105 110
Tyr Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Glu Glu Glu Lys Asn Tyr

115 120 125
His Lys Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Thr Leu Ala Asp

130	135	140	
Thr Pro Asp Lys Met Asp Ile Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asp Ile			
	165	170	175
Glu Asn Ile Gly Ile Gln Asp Ser Phe Lys Ser Phe Ile Glu Glu Tyr			
	180	185	190
Asn Thr Gln Phe Gly Thr Lys Leu Asp Ser Thr Thr Lys Val Glu Ala			
	195	200	205
Ile Phe Thr Glu Asn Ser Ser Lys Ala Lys Arg Val Glu Thr Ile Leu			
	210	215	220
Gly Leu Phe Pro Asp Glu Thr Ala Ala Gly Asn Leu Asp Lys Phe Leu			
225	230	235	240
Lys Leu Met Leu Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys Val Phe Asp Leu			
	245	250	255
Glu Glu Lys Ile Thr Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ser Tyr Glu Glu Asp			
	260	265	270
Leu Glu Leu Leu Leu Ser Lys Ile Asp Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Phe			
	275	280	285
Asp Leu Ala Lys Lys Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Asn Ile Leu			
290	295	300	
Thr Val Lys Glu Lys Asn Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile			
305	310	315	320
Lys Arg Tyr Glu Glu His Lys Asp Asp Leu Lys Ala Phe Lys Arg Phe			
	325	330	335
Phe Arg Glu Arg Leu Pro Glu Lys Tyr Glu Thr Met Phe Lys Asp Leu			
	340	345	350
Thr Lys Pro Ser Tyr Ala Ala Tyr Val Ser Gly Ala Val Thr Glu Asp			
	355	360	365
Asp Phe Tyr Lys Phe Ser Lys Gly Leu Leu Ile Asp Val Glu Gly Ala			
370	375	380	

Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys Gln

385 390 395 400

Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro Asn Gln Val His Val Lys Glu

405 410 415

Leu Gln Ala Ile Ile Leu Asn Gln Ser Lys Tyr Tyr Pro Phe Leu Ala

420 425 430

Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr

435 440 445

Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Ser Phe Ala Trp Leu Gln

450 455 460

Arg Lys Ser Asp Glu Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Gln Val Val

465 470 475 480

Asp Met Glu Thr Ser Ala Ser Arg Phe Ile Glu Arg Met Thr Leu His

485 490 495

Asp Leu Tyr Leu Pro Asp Glu Lys Val Leu Pro Arg His Ser Leu Ile

500 505 510

Tyr Glu Lys Tyr Thr Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg Phe Thr

515 520 525

Pro Glu Gly Gly Lys Glu Val Tyr Phe Ser Lys Thr Asp Lys Glu Asn

530 535 540

Ile Phe Asp Ser Leu Phe Lys Arg Tyr Arg Lys Val Thr Lys Arg Lys

545 550 555 560

Leu Lys Asp Phe Ile Glu Lys Glu Leu Gly Tyr Gly Tyr Ile Asp Ile

565 570 575

Asp Asn Ile Lys Gly Val Glu Glu Gln Phe Asn Ala Ser Tyr Thr Thr

580 585 590

Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Ile Ile Gly Asp Lys Glu Phe Leu Asp Asn

595 600 605

Glu Glu Asn Lys Asp Leu Leu Glu Glu Ile Ile Tyr Ile Leu Thr Val

610 615 620

Phe Glu Asp Arg Lys Met Ile Glu Lys Arg Leu Ser Glu Leu Asn Ile

625 630 635 640
 Pro Phe Glu Asn Lys Ile Ile Lys Lys Leu Ala Arg Lys Lys Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Asn Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asp Gly Ile Arg Asn Arg
 660 665 670
 Glu Thr Asn Arg Thr Ile Leu Gly His Leu Ile Asp Asp Gly Phe Ser
 675 680 685
 Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Asp Phe Lys
 690 695 700
 Glu Ile Ile Arg Lys Ala Gln Thr Ile Glu Asn Ile Asp Thr Asn Gln

 705 710 715 720
 Ala Leu Val Ser Ser Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Asn Ile Val Asp Glu Ile Ile Ala Ile Met Gly Tyr
 740 745 750
 Ala Pro Thr Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Arg Asp Asn Ser Ala Gln Arg Leu Lys Lys Ile Glu Asp

 770 775 780
 Gly Ile Lys Leu Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gln Asn Pro Ile Gln Asp
 785 790 795 800
 Asn Lys Asp Leu Gln Lys Glu Lys Leu Phe Leu Tyr Tyr Met Gln Asn
 805 810 815
 Gly Ile Asp Leu Tyr Thr Gly Gln Pro Leu Asn Cys Asp Pro Asp Ser
 820 825 830
 Leu Ala Phe Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Arg Ser Tyr Ile Lys

 835 840 845
 Asn Asp Ser Phe Asp Asn Lys Val Leu Thr Thr Ser Lys Gly Asn Arg
 850 855 860
 Lys Lys Leu Asp Asp Val Pro Ala Lys Glu Val Val Glu Lys Met Glu
 865 870 875 880

Asn Thr Trp Arg Arg Leu His Ala Ala Gly Leu Ile Ser Asp Ile Lys
 885 890 895
 Leu Ser Tyr Leu Met Lys Gly Glu Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala Gly
 900 905 910
 Phe Ile Arg Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Arg Leu Leu Asp Glu Lys Leu Asn Arg Lys Lys Asn Glu Asn Gly
 930 935 940
 Glu Lys Leu Arg Thr Thr Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Val Phe Ala
 945 950 955 960
 Ser Arg Phe Arg Ala Asn Phe Asp Leu Tyr Lys Leu Arg Glu Leu Asn
 965 970 975
 His Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Gln
 980 985 990
 Ala Leu Leu Lys Val Tyr Pro Lys Phe Glu Arg Glu Leu Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Ser Tyr Val Lys Glu Ser Ile Phe Ser Arg Lys Ala Thr Glu Arg
 1010 1015 1020
 Met Arg Met Tyr Asn Asn Ile Leu Lys Phe Ile Ser Lys Asp Lys
 1025 1030 1035
 Lys Asp Gln Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Lys Glu Ile
 1040 1045 1050
 Glu Asn Ile Val Lys Lys Val Ile Tyr Ser Ser Pro Val Asn Ile
 1055 1060 1065
 Val Lys Lys Arg Glu Glu Gln Ser Gly Ala Leu Phe Lys Gln Ser
 1070 1075 1080
 Asn Met Ala Val Gly Tyr Asn Asn Lys Leu Ile Pro Arg Lys Lys
 1085 1090 1095
 Asp Trp Ser Val Asp Lys Tyr Gly Gly Phe Ile Glu Pro Ala Glu
 1100 1105 1110
 Ser Tyr Ser Leu Ala Ile Phe Tyr Thr Asp Ile Asn Gly Lys Lys

1115	1120	1125
Pro Lys Lys Lys Ser Thr Ile	Ile Ala Ile Ser Arg	Met Glu Lys
1130	1135	1140
Lys Asp Tyr Glu Lys Glu Pro	Glu Arg Phe Leu Ala	Gln Lys Gly

1145	1150	1155
Phe Glu Arg Val Glu Lys Thr	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu
1160	1165	1170
Phe Glu Met Glu Lys Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ser Gly
1175	1180	1185
Glu Leu Gln Lys Gly Asn Gln	Val Leu Leu Pro Glu	His Leu Ile
1190	1195	1200
Arg Leu Leu Ser Tyr Ala Lys	Lys Val Asp Val Leu	Val Lys Ser

1205	1210	1215
Lys Asp Asp Asp Tyr Asp Leu	Glu Glu His Arg Ala	Glu Phe Ala
1220	1225	1230
Glu Leu Leu Asp Cys Ile Lys	Lys Phe Asn Asp Met	Tyr Ile Leu
1235	1240	1245
Ala Ser Ser Asn Met Ser Lys	Ile Glu Glu Ile Tyr	Gln Lys Asn
1250	1255	1260
Ile Asp Ala Pro Ile Glu Glu	Val Ala Arg Ser Phe	Val Leu Leu

1265	1270	1275
Asn Phe Thr Met Met Gly Ala	Ala Thr Asp Phe Lys	Phe Phe Gly
1280	1285	1290
Gln Ile Ile Pro Arg Lys Arg	Tyr Pro Ser Thr Thr	Glu Cys Leu
1295	1300	1305
Lys Ser Thr Leu Ile His Gln	Ser Val Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr
1310	1315	1320
Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu	Gly Glu Asn	
1325	1330	

<210> 137

<211> 1361

<212> PRT

<213> Streptococcus mitis

<400> 137

Asn Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Thr Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ile Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr

115 120 125

His Lys Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Lys Glu Lys Ala Asp Phe Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ser Phe Asp Ile

165 170 175

Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Asn Gly Gln Asn Ala Gln Val

195 200 205

Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu

225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

 245 250 255
 Asp Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Val Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

 305 310 315 320
 Met Ile Asp Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Ala Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Lys Thr Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Leu Glu

 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Ile Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Gln Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Ala Arg Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
485 490 495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510
Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525
Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
530 535 540
Lys Gln Gln Ile Val Thr Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
545 550 555 560
Glu Lys Asp Ile Ile Gln Tyr Leu His Asn Val Asp Ser Tyr Asp Gly
565 570 575
Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp
595 600 605
Ser Lys Asn Glu Ala Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile
610 615 620
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala His Tyr Ala Ser
625 630 635 640
Ile Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr
645 650 655
Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr Asp Lys
660 665 670
Gln Ser Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Glu Ile
675 680 685
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys
690 695 700
Glu Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asn Asp Val Lys
705 710 715 720
Gln Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile

725	730	735	
Leu Gln Ser Ile Lys Leu Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His			
740	745	750	
Ala Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	
Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp			
770	775	780	
Ala Leu Lys Asn Leu Ala His Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp			
785	790	795	800
Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn			
805	810	815	
Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Ser Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser			
820	825	830	
Ser Cys Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp			
835	840	845	
Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys			
850	855	860	
Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe			
865	870	875	880
Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn			
885	890	895	
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu Val Thr Glu Lys			
930	935	940	
Asp Lys Lys Asp Arg Ser Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu			
945	950	955	960
Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	

Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Pro Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala
 980 985 990
 Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Thr Lys Asp Pro Lys Glu Val
 1010 1015 1020
 Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn
 1025 1030 1035
 Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Val Lys
 1040 1045 1050
 Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp
 1055 1060 1065
 Asn Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Leu
 1070 1075 1080
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1085 1090 1095
 Leu Phe Asp Asn Asn Ile Val Ser Lys Lys Lys Val Val Asp Ala
 1100 1105 1110
 Ser Lys Leu Thr Pro Ile Lys Ser Gly Leu Ser Pro Glu Lys Tyr
 1115 1120 1125
 Gly Gly Tyr Ala Arg Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Ile
 1130 1135 1140
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Arg Ile Lys
 1145 1150 1155
 Glu Met Val Gly Ile Thr Val Gln Asp Lys Lys Lys Phe Glu Ala
 1160 1165 1170
 Asn Pro Ile Ala Tyr Leu Glu Glu Cys Gly Tyr Lys Asn Ile Asn
 1175 1180 1185
 Pro Asn Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Phe
 1190 1195 1200
 Asn Asn Gly Gln Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ser Ile Glu Leu Gln

1205 1210 1215
Lys Gly Asn Glu Leu Ile Val Pro Tyr His Phe Thr Ala Leu Leu

1220 1225 1230
Tyr His Ala Gln Arg Ile Asn Lys Ile Ser Glu Pro Ile His Lys

1235 1240 1245
Gln Tyr Val Glu Thr His Gln Ser Glu Phe Lys Glu Leu Leu Thr

1250 1255 1260
Ala Ile Ile Ser Leu Ser Lys Lys Tyr Ile Gln Lys Pro Asn Val

1265 1270 1275
Glu Ser Leu Leu Gln Gln Ala Phe Asp Gln Ser Asp Lys Asp Ile

1280 1285 1290
Tyr Gln Leu Ser Glu Ser Phe Ile Ser Leu Leu Lys Leu Ile Ser

1295 1300 1305
Phe Gly Ala Pro Gly Thr Phe Lys Phe Leu Gly Val Glu Ile Ser

1310 1315 1320
Gln Ser Asn Val Arg Tyr Gln Ser Val Ser Ser Cys Phe Asn Ala

1325 1330 1335
Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile

1340 1345 1350
Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360

<210> 138

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus mitis

<400> 138

Lys Lys Gly Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly

1 5 10 15
Phe Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met Lys

20 25 30
Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Arg Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly

35 40 45

Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Ala Arg Arg Leu Lys
50 55 60
Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser Phe
85 90 95
Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Arg Glu
100 105 110
Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Thr Glu Glu Lys Glu Tyr His
115 120 125
Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp Ser
130 135 140
Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met
145 150 155 160
Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ala Phe Asp Ile Lys
165 170 175
Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr Asp
180 185 190
Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val Glu
195 200 205
Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg Val
210 215 220
Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu Phe
225 230 235 240
Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe Asp
245 250 255
Leu Glu Asp Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Glu
260 265 270
Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Thr Asp Leu
275 280 285
Phe Val Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly Ile

290 295 300
 Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Asn Asp Leu Ala Ala Leu Lys Gln

 325 330 335
 Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln
 355 360 365
 Glu Thr Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu Gly
 370 375 380
 Thr Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys

 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gln
 405 410 415
 Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu Tyr Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp Leu

 450 455 460
 Thr Arg Asn Ser Asp Glu Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu Ile
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr Asn
 485 490 495
 Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Phe

 515 520 525
 Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln Lys
 530 535 540

Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Glu
 545 550 555 560
 Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly Ile
 565 570 575
 Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr Tyr

 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp Ala
 595 600 605
 Lys Asn Glu Ala Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile Phe
 610 615 620
 Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser Leu
 625 630 635 640
 Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr Gly

 645 650 655
 Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Cys Asp Lys Gln
 660 665 670
 Thr Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Lys Ile Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys Glu
 690 695 700
 Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Ile Gly Lys Thr Asp Asp Val Lys Gln

 705 710 715 720
 Val Val Gln Glu Leu Ser Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Ala
 740 745 750
 Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
 755 760 765
 Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp Ser

 770 775 780
 Leu Lys Ile Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Asn Pro Thr Asp Asn

785 790 795 800
 Asn Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser Ser
 820 825 830
 Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser

 835 840 845
 Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys Ser
 850 855 860
 Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe Trp
 865 870 875 880
 Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn Asn
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val Gly

 900 905 910
 Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Tyr Asn Thr Glu Val Asn Glu Lys Asp
 930 935 940
 Lys Lys Asn Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn

 965 970 975
 Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys
 980 985 990
 Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly
 995 1000 1005
 Glu Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Asp Pro Lys Glu Val Glu
 1010 1015 1020
 Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn Phe

 1025 1030 1035

Phe Lys	Glu Glu Val His Tyr	Ala Asp Gly Thr	Ile	Val Lys Arg
1040		1045		1050
Glu Asn	Ile Glu Tyr Ser Lys	Asp Thr Gly Glu	Ile	Ala Trp Asn
1055		1060		1065
Lys Glu	Lys Asp Phe Ala Ile	Ile Lys Lys Val	Leu	Ser Leu Pro
1070		1075		1080
Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Arg Glu Val Gln Thr	Gly Gly Phe	
1085		1090		1095
Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Pro	Lys Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile	
1100		1105		1110
Pro Arg	Lys Thr Lys Asp Ile	Leu Leu Asp Thr Thr	Lys Tyr Gly	
1115		1120		1125
Gly Phe	Asp Ser Pro Val Ile	Ala Tyr Ser Ile Leu	Leu Ile Ala	
1130		1135		1140
Asp Ile	Glu Lys Gly Lys Ala	Lys Lys Leu Lys Thr	Val Lys Thr	
1145		1150		1155
Leu Val	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Lys Ala Ala Phe	Glu Glu Asn	
1160		1165		1170
Pro Ile	Thr Phe Leu Glu Asn	Lys Gly Tyr His Asn	Val Arg Lys	
1175		1180		1185
Glu Asn	Ile Leu Cys Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu	
1190		1195		1200
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Lys Glu	Leu Gln Lys	
1205		1210		1215
Gly Asn	Glu Ile Val Leu Pro	Val Tyr Leu Thr Thr	Leu Leu Tyr	
1220		1225		1230
His Ser	Lys Asn Val His Lys	Leu Asp Glu Pro Gly	His Leu Glu	
1235		1240		1245
Tyr Ile	Gln Lys His Arg Asn	Glu Phe Lys Asp Leu	Leu Asn Leu	
1250		1255		1260
Val Ser	Glu Phe Ser Gln Lys	Tyr Val Leu Ala Asp	Ala Asn Leu	

1265 1270 1275
 Glu Lys Ile Lys Ser Leu Tyr Ala Asp Asn Glu Gln Ala Asp Ile
 1280 1285 1290
 Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Ile Asp
 1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn Ala Thr Leu

 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Trp Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1355
 <210> 139
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 139
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

 595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
	885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
	900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
	915	920	925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
	930	935	940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
	965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
	980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
	995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
	1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
	1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
	1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
	1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
	1085	1090	1095

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr

1100

1105

1110

Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile

1115

1120

1125

Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys

1130

1135

1140

Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg

1145

1150

1155

Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln

1160

1165

1170

Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu

1175

1180

1185

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln

1190

1195

1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu

1205

1210

1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220

1225

1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235

1240

1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250

1255

1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265

1270

1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280

1285

1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295

1300

1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310

1315

1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335
 Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

 <210> 140
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 140
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180	185	190	
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val			
195	200	205	
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg			
210	215	220	
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
245	250	255	
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
260	265	270	
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu			
275	280	285	
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly			
290	295	300	
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys			
325	330	335	
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser			
340	345	350	
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
355	360	365	
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu			
370	375	380	
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
405	410	415	
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe			
420	425	430	

Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460

Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Ile Lys Val Lys

515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685
Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700
Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
865 870 875 880

Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
915 920 925

Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys

 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly

 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile
 1115 1120 1125
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys

 1130 1135 1140
 Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg
 1145 1150 1155
 Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln

1160 1165 1170
 Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu
 1175 1180 1185
 Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln

1190 1195 1200
 Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu
 1205 1210 1215
 Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
 1220 1225 1230
 Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
 1235 1240 1245
 Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 141

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 141

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn

100 105 110

Phe Asp Ser Tyr Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr

115 120 125

His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr

180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205

Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys

210 215 220

Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Arg Asn

225 230 235 240

Leu Val Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

245 250 255

Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

 275 280 285
 Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Lys Arg Tyr Ala Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys
 325 330 335
 Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Pro Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys

 340 345 350
 Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys
 355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Ala
 370 375 380
 Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780
Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Gly Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

930 935 940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		

1235 1240 1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 142

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 142

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr

 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835	840	845	
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	

Phe Ser	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305	
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr

1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 143
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 143
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

 660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Gln Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp

1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr

1100 1105 1110
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile
 1115 1120 1125
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys
 1130 1135 1140
 Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg
 1145 1150 1155

Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln

1160 1165 1170
 Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu
 1175 1180 1185
 Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln
 1190 1195 1200
 Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu
 1205 1210 1215
 Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230
 Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
 1235 1240 1245
 Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
 1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 144

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 144

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
100 105 110
Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
115 120 125
His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
130 135 140
Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
210 215 220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750
Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780
Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp

930 935 940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990

Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val	Tyr Pro Gln Leu Glu	Pro Glu Phe
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His	Phe His Gly His Lys	Glu Asn Lys
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu

1220 1225 1230
 Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
 1235 1240 1245
 Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 145

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 145

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

275 280 285

Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

485 490 495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510
Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525
Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560
Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Pro Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Glu Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp

 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065

Pro Gln	Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080	
Phe Ser	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 146

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 146

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
210 215 220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Lys Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys			
1130	1135	1140	

Ala Leu	Val Gly Val Thr	Ile Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145		1150	1155
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160		1165	1170
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175		1180	1185
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190		1195	1200
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205		1210	1215
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220		1225	1230
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235		1240	1245
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250		1255	1260
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265		1270	1275
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280		1285	1290
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295		1300	1305
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310		1315	1320
Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325		1330	1335
Leu Ser	Lys Leu Gly Gly Asp		
1340		1345	
<210>	147		
<211>	1345		
<212>	PRT		
<213>	Streptococcus mutans		

<400> 147

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Thr Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Leu Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

 725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Pro Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val	Tyr Pro Gln Leu Glu	Pro Glu Phe
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His	Phe His Gly His Glu	Glu Asn Lys
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ser Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 148

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 148

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg	Arg	Tyr	Thr	Arg	Arg	Arg	Asn	Arg	Ile	Leu
65				70				75				80			
Tyr	Leu	Gln	Glu	Ile	Phe	Ser	Glu	Glu	Met	Gly	Lys	Val	Asp	Asp	Ser
85				90				95							
Phe	Phe	His	Arg	Leu	Glu	Asp	Ser	Phe	Leu	Val	Thr	Glu	Asp	Lys	Arg
100				105				110							
Gly	Glu	Arg	His	Pro	Ile	Phe	Gly	Asn	Leu	Glu	Glu	Glu	Val	Lys	Tyr
115				120				125							
His	Glu	Asn	Phe	Pro	Thr	Ile	Tyr	His	Leu	Arg	Gln	Tyr	Leu	Ala	Asp
130				135				140							
Asn	Pro	Glu	Lys	Val	Asp	Leu	Arg	Leu	Val	Tyr	Leu	Ala	Leu	Ala	His
145				150				155				160			
Ile	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	His	Phe	Leu	Ile	Glu	Gly	Lys	Phe	Asp	Thr
165				170				175							
Arg	Asn	Asn	Asp	Val	Gln	Arg	Leu	Phe	Gln	Glu	Phe	Leu	Ala	Val	Tyr
180				185				190							
Asp	Asn	Thr	Phe	Glu	Asn	Ser	Ser	Leu	Gln	Glu	Gln	Asn	Val	Gln	Val
195				200				205							
Glu	Glu	Ile	Leu	Thr	Asp	Lys	Ile	Ser	Lys	Ser	Ala	Lys	Lys	Asp	Arg
210				215				220							
Val	Leu	Lys	Leu	Phe	Pro	Asn	Glu	Lys	Ser	Asn	Gly	Arg	Phe	Ala	Glu
225				230				235				240			
Phe	Leu	Lys	Leu	Ile	Val	Gly	Asn	Gln	Ala	Asp	Phe	Lys	Lys	His	Phe
245				250				255							
Glu	Leu	Glu	Glu	Lys	Ala	Pro	Leu	Gln	Phe	Ser	Lys	Asp	Thr	Tyr	Glu
260				265				270							
Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Leu	Leu	Ala	Gln	Ile	Gly	Asp	Asn	Tyr	Ala	Glu
275				280				285							
Leu	Phe	Leu	Ser	Ala	Lys	Lys	Leu	Tyr	Asp	Ser	Ile	Leu	Leu	Ser	Gly
290				295				300							
Ile	Leu	Thr	Val	Thr	Asp	Val	Ser	Thr	Lys	Ala	Pro	Leu	Ser	Ala	Ser

305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Phe Thr Lys Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805	810	815	
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr			
820	825	830	
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys			
835	840	845	
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Arg Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	

Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		

1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 149
 <211> 1336
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 149
 Met Lys Lys Ser Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn
 100 105 110
 Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr
 115 120 125
 His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp
 130 135 140

Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr

180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205

Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys

210 215 220

Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn

225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

245 250 255

Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

275 280 285

Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Lys Arg Tyr Ala Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys

325 330 335

Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Pro Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys

340 345 350

Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys

355 360 365

Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Ala

370 375 380

Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Ala Val Met Pro Trp Asn Phe Asp Gln

 465 470 475 480
 Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu His Met Thr
 485 490 495
 Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Pro Leu Tyr Glu Lys Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys
 515 520 525
 Tyr Val Thr Glu Ile Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Leu Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Leu Phe Lys His Glu Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Lys Lys Leu Arg Thr Phe Leu Asp Lys Asn Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Ile Gln Gly Leu Asp Lys Glu Thr Glu Thr Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Ala Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Val Ile Lys Asp Lys Val Phe

 595 600 605
 Met Asp Asn Pro Glu Asn Ala Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val Leu Thr
 610 615 620
 Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Lys
 625 630 635 640

Tyr Ala Asp Val Phe Asp Lys Lys Val Ile Asp Gln Leu Ala Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Asn Gly Ile
 660 665 670
 Arg Asp Lys Gln Ser Cys Lys Thr Ile Met Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Ala Gln Ser Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Thr Asp Asp Asn Leu
 690 695 700
 Thr Phe Lys Asp Asp Ile Val Lys Ala Gln Tyr Val Asp Asn Ser Asp
 705 710 715 720
 Asp Leu His Gln Val Val Gln Ser Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Lys Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Ala Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg
 770 775 780
 Leu Lys Glu Ala Ile Lys Asp Leu Asn His Lys Ile Leu Lys Glu His
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asn Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ser Leu Asp Ile Asn
 820 825 830
 Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Val Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Ala Asn
 850 855 860
 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Asp Val Val Asn Arg Met
 865 870 875 880
 Arg Pro Phe Trp Asn Lys Leu Leu Ser Ser Gly Leu Ile Ser Gln Arg

885	890	895	
Lys Tyr Asn Asn Leu Thr Lys Lys Glu Leu Thr Pro Asp Asp Lys Ala			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Arg Met Leu Asp Glu Arg Phe Asn Lys Glu Phe Asp Asp Asn			
930	935	940	
Asn Lys Arg Ile Arg Arg Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn Leu			
945	950	955	960
Val Ser Ser Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Val			
980	985	990	
Lys Ala Leu Leu Val Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Glu Arg Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Gln Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Met Phe Lys Ser			
1025	1030	1035	
Lys Val Lys Leu Ala Asp Asp Gln Ile Val Glu Arg Pro Met Ile			
1040	1045	1050	
Glu Val Asn Asp Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp Lys Thr Lys			
1055	1060	1065	
His Ile Thr Thr Val Lys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn			
1070	1075	1080	
Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly Leu Phe Asp Pro			
1085	1090	1095	
Lys Ser Pro Leu Glu Lys Leu Val Pro Leu Lys Lys Ala Leu Asn			
1100	1105	1110	
Pro Glu Lys Tyr Gly Gly Tyr Gln Lys Pro Thr Thr Ala Tyr Pro			
1115	1120	1125	

Ile Leu	Leu Ile Val Asp Thr	Lys Gln Leu Ile Pro	Ile Ser Val
1130	1135	1140	
Met Asp	Lys Lys Arg Phe Glu	Gln Asn Pro Val Lys	Phe Leu Lys
1145	1150	1155	
Asp Lys	Gly Tyr Gln Gln Ile	Glu Lys Asn Asn Phe	Val Lys Leu
1160	1165	1170	
Pro Lys	Tyr Thr Leu Val Asp	Ile Gly Asn Gly Ile	Lys Arg Leu
1175	1180	1185	
Trp Ala	Ser Ser Lys Glu Val	His Lys Gly Asn Gln	Leu Val Val
1190	1195	1200	
Ser Lys	Lys Ser Gln Asp Leu	Leu Tyr His Ala His	His Leu Asp
1205	1210	1215	
Asn Asp	Tyr Ser Asn Glu Tyr	Val Lys Asn His Tyr	Gln Gln Phe
1220	1225	1230	
Asp Ile	Leu Phe Asn Glu Ile	Thr Ser Phe Ser Lys	Lys Cys Lys
1235	1240	1245	
Leu Gly	Lys Glu His Ile Gln	Lys Ile Glu Glu Ala	Tyr Ser Lys
1250	1255	1260	
Glu Arg	Asp Ser Ala Ser Ile	Glu Glu Leu Ala Asp	Gly Phe Ile
1265	1270	1275	
Lys Leu	Leu Gly Phe Thr Gln	Leu Gly Ala Thr Ser	Pro Phe Ser
1280	1285	1290	
Phe Leu	Gly Ile Lys Leu Asn	Gln Lys Gln Tyr Thr	Gly Lys Lys
1295	1300	1305	
Asp Tyr	Leu Glu Ala Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu
1310	1315	1320	
Tyr Glu	Thr Arg Ile Asp Leu	Asn Lys Leu Gly Gly	Asp
1325	1330	1335	
<210>	150		
<211>	1345		
<212>	PRT		

<213> Streptococcus mutans

<400> 150

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255

 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380

 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725	730	735
Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met		
740	745	750
Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln		
755	760	765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu		
770	775	780
Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro		
785	790	795
Val Glu His Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu		
805	810	815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr		
820	825	830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys		
835	840	845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg		
850	855	860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys		
865	870	875
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys		
885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp		
900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr		
915	920	925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp		
930	935	940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser		
945	950	955
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg		
965	970	975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys			
1130	1135	1140	
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg			
1145	1150	1155	
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln			
1160	1165	1170	
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu			
1175	1180	1185	
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln			
1190	1195	1200	
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu			

1205 1210 1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
1220 1225 1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
1235 1240 1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
1265 1270 1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
1280 1285 1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
1295 1300 1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1325 1330 1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1340 1345

<210> 151

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 151

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
50 55 60

305	310	315	320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys			
	325	330	335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser			
	340	345	350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
	355	360	365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu			
	370	375	380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
	405	410	415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ser Glu Phe Tyr Pro Phe			
	420	425	430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile			
	435	440	445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp			
	450	455	460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu			
465	470	475	480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr			
	485	490	495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser			
	500	505	510
Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys			
	515	520	525
Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Glu Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys			
	530	535	540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys			
545	550	555	560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605

 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670

 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735

 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800

 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805	810	815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr		
820	825	830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys		
835	840	845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg		
850	855	860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys		
865	870	875
880		
Pro Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys		
885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp		
900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr		
915	920	925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp		
930	935	940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser		
945	950	955
960		
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg		
965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val		
980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe		
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Glu Glu Asn Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050

Lys Lys	Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065	
Pro Gln	Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080	
Phe Ser	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 152

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 152

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn

100 105 110

Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr

115 120 125

His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130	135	140	
Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala			
	165	170	175
Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr			
	180	185	190
Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala			
	195	200	205
Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys			
	210	215	220
Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe			
	245	250	255
Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
	260	265	270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu			
	275	280	285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly			
	290	295	300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys			
	325	330	335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser			
	340	345	350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
	355	360	365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu			
	370	375	380

Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575

 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr

625				630				635				640			
Ser	Asp	Leu	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Leu	Lys	Lys	Leu	Glu	Arg	Arg	His
				645				650				655			
Tyr	Thr	Gly	Trp	Gly	Arg	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ile	His	Gly	Ile	Arg
				660				665				670			
Asn	Lys	Glu	Ser	Arg	Lys	Thr	Ile	Leu	Asp	Tyr	Leu	Ile	Asp	Asp	Gly
				675				680				685			
Asn	Ser	Asn	Arg	Asn	Phe	Met	Gln	Leu	Ile	Asn	Asp	Asp	Ala	Leu	Ser
690				695				700							
Phe	Lys	Glu	Glu	Ile	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Ile	Gly	Glu	Thr	Asp	Asn
705				710				715				720			
Leu	Asn	Gln	Val	Val	Ser	Asp	Ile	Ala	Gly	Ser	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys
				725				730				735			
Gly	Ile	Leu	Gln	Ser	Leu	Lys	Ile	Val	Asp	Glu	Leu	Val	Lys	Ile	Met
				740				745				750			
Gly	His	Gln	Pro	Glu	Asn	Ile	Val	Val	Glu	Met	Ala	Arg	Glu	Asn	Gln
755				760				765							
Phe	Thr	Asn	Gln	Gly	Arg	Arg	Asn	Ser	Gln	Gln	Arg	Leu	Lys	Gly	Leu
770				775				780							
Thr	Asp	Ser	Ile	Lys	Glu	Phe	Gly	Ser	Gln	Ile	Leu	Lys	Glu	His	Pro
785				790				795				800			
Val	Glu	Asn	Ser	Gln	Leu	Gln	Asn	Asp	Arg	Leu	Phe	Leu	Tyr	Tyr	Leu
				805				810				815			
Gln	Asn	Gly	Arg	Asp	Met	Tyr	Thr	Gly	Glu	Glu	Leu	Asp	Ile	Asp	Tyr
				820				825				830			
Leu	Ser	Gln	Tyr	Asp	Ile	Asp	His	Ile	Ile	Pro	Gln	Ala	Phe	Ile	Lys
835				840				845							
Asp	Asn	Ser	Ile	Asp	Asn	Arg	Val	Leu	Thr	Ser	Ser	Lys	Glu	Asn	Arg
850				855				860							
Gly	Lys	Ser	Asp	Asp	Val	Pro	Ser	Lys	Asp	Val	Val	Arg	Lys	Met	Lys
865				870				875				880			

Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
885 890 895

Phe Asp Asn Leu Thr Lys Gly Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
915 920 925

Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
930 935 940

Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
945 950 955 960

Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
980 985 990

Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
1025 1030 1035

Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
1040 1045 1050

Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
1055 1060 1065

Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
1070 1075 1080

Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu
1085 1090 1095

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
1100 1105 1110

Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile

1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp		
1340	1345	

<210> 153

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 153

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210	215	220	
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
	245	250	255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
	260	265	270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu			
	275	280	285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly			
	290	295	300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys			
	325	330	335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser			
	340	345	350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
	355	360	365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu			
	370	375	380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
	405	410	415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe			
	420	425	430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile			
	435	440	445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp			
	450	455	460

Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735

 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Lys Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800

 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860

 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925

 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960

Asn	Leu	Val	Ser	Asn	Phe	Arg	Lys	Glu	Phe	Glu	Leu	Tyr	Lys	Val	Arg		
				965					970					975			
Glu	Ile	Asn	Asp	Tyr	His	His	Ala	His	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Ala	Val		
				980					985					990			
Ile	Gly	Lys	Ala	Leu	Leu	Gly	Val	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu	Phe		
				995					1000					1005			
Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Pro	His	Phe	His	Gly	His	Lys	Glu	Asn	Lys			
				1010					1015					1020			
Ala	Thr	Ala	Lys	Lys	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe			
				1025					1030					1035			
Lys	Lys	Asp	Asp	Val	Arg	Thr	Asp	Lys	Asn	Gly	Glu	Ile	Ile	Trp			
				1040					1045					1050			
Lys	Lys	Asp	Glu	His	Ile	Ser	Asn	Ile	Lys	Lys	Val	Leu	Ser	Tyr			
				1055					1060					1065			
Pro	Gln	Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Val	Glu	Glu	Gln	Thr	Gly	Gly			
				1070					1075					1080			
Phe	Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys	Gly	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu			
				1085					1090					1095			
Ile	Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Lys	Phe	Tyr	Trp	Asp	Thr	Lys	Lys	Tyr			
				1100					1105					1110			
Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Ile	Val	Ala	Tyr	Ser	Ile	Leu	Val	Ile			
				1115					1120					1125			
Ala	Asp	Ile	Glu	Lys	Gly	Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Lys	Thr	Val	Lys			
				1130					1135					1140			
Ala	Leu	Val	Gly	Val	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Met	Thr	Phe	Glu	Arg			
				1145					1150					1155			
Asp	Pro	Val	Ala	Phe	Leu	Glu	Arg	Lys	Gly	Tyr	Arg	Asn	Val	Gln			
				1160					1165					1170			
Glu	Glu	Asn	Ile	Ile	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Lys	Leu			
				1175					1180					1185			
Glu	Asn	Gly	Arg	Lys	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Glu	Leu	Gln			

1190 1195 1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu

1205 1210 1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1340 1345

<210> 154

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 154

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380

 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785	790	795	800
Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu			
	805	810	815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr			
	820	825	830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys			
	835	840	845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
	850	855	860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
	885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
	900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
	915	920	925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp			
	930	935	940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
	965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
	980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
	995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
	1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035

Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		

1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ser Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320

 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 155
 <211> 1336
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 155
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30

 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95

 Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn
 100 105 110
 Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr
 115 120 125

His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp
130 135 140

Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala
165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr
180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala
195 200 205

Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys
210 215 220

Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
245 250 255

Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
275 280 285

Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300

Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320

Met Ile Lys Arg Tyr Ala Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys
325 330 335

Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Pro Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys
340 345 350

Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys
355 360 365

Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Thr

370	375	380	
Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Gln Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
405	410	415	
Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe			
420	425	430	
Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile			
435	440	445	
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala Trp			
450	455	460	
Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Ala Val Thr Pro Trp Asn Phe Asp Gln			
465	470	475	480
Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu His Met Thr			
485	490	495	
Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser			
500	505	510	
Pro Leu Tyr Glu Lys Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys			
515	520	525	
Tyr Val Thr Glu Ile Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Leu Lys			
530	535	540	
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Leu Phe Lys His Glu Arg Lys Val Thr Lys			
545	550	555	560
Lys Lys Leu Arg Thr Phe Leu Asp Lys Asn Phe Asp Glu Phe Arg Ile			
565	570	575	
Val Asp Ile Gln Gly Leu Asp Lys Glu Thr Glu Thr Phe Asn Ala Ser			
580	585	590	
Tyr Ala Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Val Ile Lys Asp Lys Val Phe			
595	600	605	
Met Asp Asn Pro Glu Asn Ala Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val Leu Thr			
610	615	620	

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Lys
 625 630 635 640
 Tyr Ala Asp Val Phe Asp Lys Lys Val Ile Asp Gln Leu Ala Arg Arg
 645 650 655
 His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Asn Gly Ile
 660 665 670

 Arg Asp Lys Gln Ser Cys Lys Thr Ile Met Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
 675 680 685
 Ala Gln Ser Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Thr Asp Asp Asn Leu
 690 695 700
 Thr Phe Lys Asp Asp Ile Val Lys Ala Gln Tyr Val Asp Asn Ser Asp
 705 710 715 720
 Asp Leu His Gln Val Val Gln Ser Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735

 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
 740 745 750
 Met Gly Lys Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Ala Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg
 770 775 780
 Leu Lys Glu Ala Ile Lys Asp Leu Asn His Lys Ile Leu Lys Glu His
 785 790 795 800

 Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asn Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ser Leu Asp Ile Asn
 820 825 830
 Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Val Ile Pro Gln Ala Phe Ile
 835 840 845
 Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Ala Asn
 850 855 860

 Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Asp Val Val Asn Arg Met

865	870	875	880
Arg Pro Phe Trp Asn Lys Leu Leu Ser Ser Gly Leu Ile Ser Gln Arg			
	885	890	895
Lys Tyr Asn Asn Leu Thr Lys Lys Glu Leu Thr Leu Asp Asp Lys Ala			
	900	905	910
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
	915	920	925
Val Ala Arg Met Leu Asp Glu Arg Phe Asn Lys Glu Phe Asp Asp Asn			
	930	935	940
Asn Lys Arg Ile Arg Arg Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn Leu			
	945	950	955
Val Ser Ser Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
	965	970	975
Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Val			
	980	985	990
Lys Ala Leu Leu Val Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr			
	995	1000	1005
Gly Glu Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Glu Arg Lys Ala Thr			
	1010	1015	1020
Gln Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Met Phe Lys Ser			
	1025	1030	1035
Lys Val Lys Leu Ala Asp Asp Gln Ile Val Glu Arg Pro Met Ile			
	1040	1045	1050
Glu Val Asn Asp Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp Lys Thr Lys			
	1055	1060	1065
His Ile Thr Thr Val Lys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn			
	1070	1075	1080
Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly Leu Phe Asp Pro			
	1085	1090	1095
Lys Ser Pro Leu Glu Lys Leu Val Pro Leu Lys Lys Ala Leu Asn			
	1100	1105	1110

Pro Glu	Lys Tyr Gly Gly Tyr	Gln Lys Pro Thr Thr	Ala Tyr Pro
1115		1120	1125
Ile Leu	Leu Ile Val Asp Thr	Lys Gln Leu Ile Pro	Ile Ser Val
1130		1135	1140
Met Asp	Lys Lys Arg Phe Glu	Gln Asn Pro Val Lys	Phe Leu Lys
1145		1150	1155
Asp Lys	Gly Tyr Gln Gln Ile	Glu Lys Asn Asn Phe	Val Lys Leu
1160		1165	1170
Pro Lys	Tyr Thr Leu Val Asp	Ile Gly Asn Gly Ile	Lys Arg Leu
1175		1180	1185
Trp Ala	Ser Ser Lys Glu Val	His Lys Gly Asn Gln	Leu Val Val
1190		1195	1200
Ser Lys	Lys Ser Gln Asp Leu	Leu Tyr His Ala His	His Leu Asp
1205		1210	1215
Asn Asp	Tyr Ser Asn Glu Tyr	Val Lys Asn His Tyr	Gln Gln Phe
1220		1225	1230
Asp Ile	Leu Phe Asn Glu Ile	Thr Ser Phe Ser Lys	Lys Cys Lys
1235		1240	1245
Leu Gly	Lys Glu His Ile Gln	Lys Ile Glu Glu Ala	Tyr Ser Lys
1250		1255	1260
Glu Arg	Asp Phe Ala Ser Ile	Glu Glu Leu Ala Asp	Gly Phe Ile
1265		1270	1275
Lys Leu	Leu Gly Phe Thr Gln	Leu Gly Ala Thr Ser	Pro Phe Ser
1280		1285	1290
Phe Leu	Gly Ile Lys Leu Asn	Gln Lys Gln Tyr Thr	Gly Lys Lys
1295		1300	1305
Asp Tyr	Leu Glu Ala Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu
1310		1315	1320
Tyr Glu	Thr Arg Ile Asp Leu	Ser Lys Leu Gly Gly	Asp
1325		1330	1335

<210> 156

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 156

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu

35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110
Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125
His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140
Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val		
980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe		
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Ile Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu

1205 1210 1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 157

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 157

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys

 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp

 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035

Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp

1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 158

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 158

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Ser Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

325 330 335

Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350

Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365

Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu His Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Thr His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu

 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110

Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305	
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320	
Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335	
Leu Ser	Lys Leu Gly Gly Asp		

1340 1345

<210> 159

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 159

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr

 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Tyr Lys Leu
 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile

 1115 1120 1125
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys
 1130 1135 1140
 Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg
 1145 1150 1155
 Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln
 1160 1165 1170
 Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu

1175 1180 1185

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln
 1190 1195 1200
 Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu
 1205 1210 1215
 Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
 1220 1225 1230
 Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245
 Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
 1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 160

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 160

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Cys Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Thr Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Ser Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

 770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu

1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg

1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu

1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265

1270

1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280

1285

1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295

1300

1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310

1315

1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325

1330

1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340

1345

<210> 161

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 161

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35

40

45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85

90

95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100

105

110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
115 120 125
His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
130 135 140
Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
210 215 220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610

615

620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr

625

630

635

640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645

650

655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660

665

670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675

680

685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690

695

700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705

710

715

720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Leu Ala Ile Lys Lys

725

730

735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740

745

750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755

760

765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770

775

780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785

790

795

800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805

810

815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820

825

830

Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835

840

845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Gly Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys

 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp

 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr

 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly

 1070 1075 1080
 Phe Phe Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu

 1085 1090 1095

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile		
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr		
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp		

1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 162
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 162
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asn Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

325 330 335

Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350

Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365

Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380

Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415

Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430

Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
465 470 475 480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510
Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525
Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560
Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575
Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

580 585 590
Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605
Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620
Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
625 630 635 640
Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655
Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670
Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Lys Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp

930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
	965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
	980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
	995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
	1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
	1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys			
1130	1135	1140	
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg			
	1145	1150	1155
Asp Pro Ile Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln			
1160	1165	1170	

Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu
1175 1180 1185

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln
1190 1195 1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu
1205 1210 1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp
1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1340 1345

<210> 163
<211> 1345
<212> PRT
<213> Streptococcus mutans
<400> 163

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Gly Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
 260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys

1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
 1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 164

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 164

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Met Gln Val Asp Glu Ser
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Arg

100	105	110	
Gly Ser Arg Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Lys Glu Glu Lys Lys Tyr			
115	120	125	
His Lys Glu Phe Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Lys Leu Ala Asn			
130	135	140	
Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ser Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala			
165	170	175	
Glu Asn Thr Asn Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Val Tyr			
180	185	190	
Asp Lys Thr Val Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Met Thr Val Asp Ala			
195	200	205	
Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn			
210	215	220	
Leu Val Glu Cys Tyr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe			
245	250	255	
Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
260	265	270	
Glu Asp Leu Glu Gly Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp			
275	280	285	
Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly			
290	295	300	
Ile Leu Ala Val Asp Asp Asn Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Val Lys Arg Tyr Lys Glu His Lys Glu Glu Leu Ala Ala Phe Lys			
325	330	335	
Arg Phe Ile Lys Glu Lys Leu Pro Lys Lys Tyr Glu Glu Ile Phe Lys			
340	345	350	

Asp Asp Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Val Gly Ala Asp Ala Thr
 355 360 365
 Glu Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Val Lys Gly Ile Leu Asn Lys Val Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Val Trp Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Val Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp

 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Asn Lys Glu Phe Glu Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asn Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ser Ser

 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asn Lys Ser Phe Leu

595 600 605
 Asp Asn Lys Glu Asn Glu Gln Ile Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asp Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Gly Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Met Asp Gly

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Asn Pro Ala Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Ala Lys Gly Arg Arg Ser Ser Gln Lys Arg Tyr Lys Arg Leu

 770 775 780
 Glu Glu Ala Ile Lys Asp Leu Asn His Lys Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Glu Asp Pro Leu Asp Ile Asn Arg
 820 825 830
 Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

 835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Glu Val Val His Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Pro Phe Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Gly Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu

1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Glu	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325

1330

1335

Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp

1340

1345

<210> 165

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 165

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35

40

45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Asp Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100

105

110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165

170

175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Phe Thr Lys Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830

Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880

Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895

Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys			
1130	1135	1140	
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg			
1145	1150	1155	

Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp		
1340	1345	
<210>	166	
<211>	1345	
<212>	PRT	
<213>	Streptococcus mutans	
<400>	166	

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Lys Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Leu Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750
Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780
Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

930 935 940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990

Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val	Tyr Pro Gln Leu Glu	Pro Glu Phe
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His	Phe His Gly His Lys	Glu Asn Lys
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Ile Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu

1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp		
1340	1345	
<210>	167	
<211>	1345	
<212>	PRT	
<213>	Streptococcus mutans	
<400>	167	
Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1	5	10
15		
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met		
20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu		
35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu		
65	70	75
80		

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Leu Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820	825	830	
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys			
835	840	845	
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Gly Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys His Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	

Pro Gln	Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080	
Phe Phe	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asp Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 168
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 168
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
210 215 220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu
260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
465 470 475 480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510
Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525
Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560
Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575
Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

580 585 590
Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605
Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
610 615 620
Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
625 630 635 640
Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Leu Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Gln Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys			
1130	1135	1140	

Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg

1145 1150 1155

Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln

1160 1165 1170

Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu

1175 1180 1185

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln

1190 1195 1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asp His Leu Gly Thr Leu Leu

1205 1210 1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 169

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 169

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735
Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750
Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780
Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
Val Lys His Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp

930 935 940
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile
 1115 1120 1125
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys
 1130 1135 1140
 Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg
 1145 1150 1155
 Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln
 1160 1165 1170
 Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu
 1175 1180 1185
 Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln
 1190 1195 1200
 Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu

1205 1210 1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
1220 1225 1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
1250 1255 1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
1265 1270 1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
1280 1285 1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
1310 1315 1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1325 1330 1335
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1340 1345

<210> 170

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 170

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Asp Lys Lys Met
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu

260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys

 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805	810	815	
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr			
820	825	830	
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys			
835	840	845	
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg			
850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Tyr Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	

Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		

1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 171
 <211> 1345
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 171
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
820 825 830

Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys
865 870 875 880

Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885	890	895	
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
900	905	910	
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
965	970	975	
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
980	985	990	
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr			
1100	1105	1110	
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile			
1115	1120	1125	

Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ala Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Thr	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305	
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320	
Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335	
Leu Ser	Lys Leu Gly Gly Asp		
1340	1345		

<210> 172

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 172

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu

35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110
Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125
His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140
Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
225 230 235 240
Phe Leu Lys Leu Ile Ile Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
245 250 255
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
275 280 285
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Gln Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
325 330 335
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
340 345 350
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu

465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val		
980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe		
995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp		
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr		
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly		
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200

Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu

1205 1210 1215

Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu

1220 1225 1230

Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245

Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn

1250 1255 1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 173

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 173

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Lys Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Val Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625 630 635 640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660 665 670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Leu Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705 710 715 720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740 745 750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035

Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Ile Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp

1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 174

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 174

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Cys His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Thr Gln Leu Lys

325 330 335

Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350

Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365

Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380
 Gly Asn Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Leu Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880
 Pro Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Glu Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu

 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110

Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140	
Ala Leu	Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155	
Asp Pro	Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170	
Glu Glu	Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185	
Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215	
Tyr His	Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230	
Asp Tyr	Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245	
Val Val	Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260	
Leu Glu	Lys Ile Lys Glu Leu	Tyr Ala Gln Asn Asn	Gly Glu Asp
1265	1270	1275	
Leu Lys	Glu Leu Ser Ser Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1280	1285	1290	
Ala Ile	Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe Phe Asp	Lys Asn Ile
1295	1300	1305	
Asp Arg	Lys Arg Tyr Thr Ser	Thr Thr Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1310	1315	1320	
Leu Ile	His Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1325	1330	1335	
Leu Ser	Lys Leu Gly Gly Asp		

1340 1345

<210> 175

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 175

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Val Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp

450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr

 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095
 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr
 1100 1105 1110
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile

 1115 1120 1125
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys
 1130 1135 1140
 Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg
 1145 1150 1155
 Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln
 1160 1165 1170
 Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu

1175 1180 1185

Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln
 1190 1195 1200
 Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu
 1205 1210 1215
 Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu
 1220 1225 1230
 Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp

1235 1240 1245
 Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn
 1250 1255 1260
 Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 176

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 176

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Ile Tyr Glu

 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser

 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Lys Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Leu Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Asn Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

 770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Gly Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu Tyr Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Phe Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asp Ser	Asp Lys Leu

1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg

1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu

1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265

1270

1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280

1285

1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295

1300

1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310

1315

1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325

1330

1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340

1345

<210> 177

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 177

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Glu Lys Asn Leu Leu

35

40

45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85

90

95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100

105

110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285
 Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr

 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610

615

620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

625

630

635

640

Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645

650

655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

660

665

670

Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675

680

685

Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

690

695

700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn

705

710

715

720

Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725

730

735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met

740

745

750

Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755

760

765

Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu

770

775

780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785

790

795

800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805

810

815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820

825

830

Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835

840

845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850	855	860	
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys			
865	870	875	880
Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys			
	885	890	895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp			
	900	905	910
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr			
	915	920	925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp			
930	935	940	
Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser			
945	950	955	960
Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg			
	965	970	975
Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val			
	980	985	990
Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe			
995	1000	1005	
Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp			
1040	1045	1050	
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr			
1055	1060	1065	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu			
1085	1090	1095	

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Ser Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile		
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr		
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp		

1325 1330 1335
 Leu Asn Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 178
 <211> 1336
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 178
 Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn
 100 105 110
 Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr
 115 120 125
 His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

 130 135 140
 Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala
 165 170 175
 Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr
 180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195 200 205

Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys

210 215 220

Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn

225 230 235 240

Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

245 250 255

Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

275 280 285

Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Lys Arg Tyr Ala Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys

325 330 335

Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Pro Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys

340 345 350

Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys

355 360 365

Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Thr

370 375 380

Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Gln Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg

385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415

Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430

Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala Trp

450 455 460
Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Ala Val Thr Pro Trp Asn Phe Asp Gln

465 470 475 480
Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu His Met Thr

485 490 495
Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510
Pro Leu Tyr Glu Lys Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys

515 520 525
Tyr Val Thr Glu Ile Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Leu Lys

530 535 540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Leu Phe Lys His Glu Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560
Lys Lys Leu Arg Thr Phe Leu Asp Lys Asn Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575
Val Asp Ile Gln Gly Leu Asp Lys Glu Thr Glu Thr Phe Asn Ala Ser

580 585 590
Tyr Ala Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Val Ile Lys Asp Lys Val Phe

595 600 605
Met Asp Asn Pro Glu Asn Ala Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val Leu Thr

610 615 620
Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Lys

625 630 635 640
Tyr Ala Asp Val Phe Asp Lys Lys Val Ile Asp Gln Leu Ala Arg Arg

645 650 655
His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Asn Gly Ile

660 665 670
Arg Asp Lys Gln Ser Cys Lys Thr Ile Met Asp Tyr Leu Ile Asp Asp

675 680 685

Ala Gln Ser Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Thr Asp Asp Asn Leu
690 695 700
Thr Phe Lys Asp Asp Ile Val Lys Ala Gln Tyr Val Asp Asn Ser Asp
705 710 715 720
Asp Leu His Gln Val Val Gln Ser Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val
740 745 750
Met Gly Lys Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Thr Thr Ala Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg
770 775 780
Leu Lys Glu Ala Ile Lys Asp Leu Asn His Lys Ile Leu Lys Glu His
785 790 795 800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asn Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr
805 810 815
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ser Leu Asp Ile Asn
820 825 830
Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Val Ile Pro Gln Ala Phe Ile
835 840 845
Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Ala Asn
850 855 860
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Asp Val Val Asn Arg Met
865 870 875 880
Arg Pro Phe Trp Asn Lys Leu Leu Ser Ser Gly Leu Ile Ser Gln Arg
885 890 895
Lys Tyr Asn Asn Leu Thr Lys Lys Glu Leu Thr Leu Asp Asp Lys Ala
900 905 910
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925
Val Ala Arg Met Leu Asp Glu Arg Phe Asn Lys Glu Phe Asp Asp Asn

930	935	940	
Asn Lys Arg Ile Arg Arg Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn Leu			
945	950	955	960
Val Ser Ser Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
	965	970	975
Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Val			
	980	985	990
Lys Ala Leu Leu Val Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr			
	995	1000	1005
Gly Glu Tyr Leu Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Glu Arg Lys Ala Thr			
	1010	1015	1020
Gln Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Met Phe Lys Ser			
	1025	1030	1035
Lys Val Lys Leu Ala Asp Asp Gln Ile Val Glu Arg Pro Met Ile			
	1040	1045	1050
Glu Val Asn Asp Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp Lys Thr Lys			
	1055	1060	1065
His Ile Thr Thr Val Lys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn			
	1070	1075	1080
Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly Leu Phe Asp Pro			
	1085	1090	1095
Lys Ser Pro Leu Glu Lys Leu Val Pro Leu Lys Lys Ala Leu Asn			
	1100	1105	1110
Pro Glu Lys Tyr Gly Gly Tyr Gln Lys Pro Thr Thr Ala Tyr Pro			
	1115	1120	1125
Ile Leu Leu Ile Val Asp Thr Lys Gln Leu Ile Pro Ile Ser Val			
	1130	1135	1140
Met Asp Lys Lys Arg Phe Glu Gln Asn Pro Val Lys Phe Leu Lys			
	1145	1150	1155
Asp Lys Gly Tyr Gln Gln Ile Glu Lys Asn Asn Phe Val Lys Leu			
	1160	1165	1170

Pro Lys Tyr Thr Leu Val Asp Ile Gly Asn Gly Ile Lys Arg Leu
1175 1180 1185

Trp Ala Ser Ser Lys Glu Val His Lys Gly Asn Gln Leu Val Val
1190 1195 1200

Ser Lys Lys Ser Gln Asp Leu Leu Tyr His Ala His His Leu Asp
1205 1210 1215

Asn Asp Tyr Ser Asn Glu Tyr Val Lys Asn His Tyr Gln Gln Phe
1220 1225 1230

Asp Ile Leu Phe Asn Glu Ile Thr Ser Phe Ser Lys Lys Cys Lys
1235 1240 1245

Leu Gly Lys Glu His Ile Gln Lys Ile Glu Glu Ala Tyr Ser Lys
1250 1255 1260

Glu Arg Asp Phe Ala Ser Ile Glu Glu Leu Ala Asp Gly Phe Ile
1265 1270 1275

Lys Leu Leu Gly Phe Thr Gln Leu Gly Ala Thr Ser Pro Phe Ser
1280 1285 1290

Phe Leu Gly Ile Lys Leu Asn Gln Lys Gln Tyr Thr Gly Lys Lys
1295 1300 1305

Asp Tyr Leu Glu Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu
1310 1315 1320

Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1325 1330 1335

<210> 179
<211> 1345
<212> PRT
<213> Streptococcus mutans
<400> 179

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175

 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240

 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu
 275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300

 Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Val Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365

 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495

 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560

 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620

 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685

 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750

 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu His Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880

Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp
 930 935 940

Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp
 1265 1270 1275
 Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1280 1285 1290
 Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile
 1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1310 1315 1320
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345

<210> 180

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 180

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115	120	125	
His Glu Asn Phe Pro Thr	Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr	Leu Ala Asp	
130	135	140	
Asn Pro Glu Lys Thr	Asp Leu Arg Leu Val Tyr	Leu Ala Leu Ala His	
145	150	155	160
Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr			
165	170	175	
Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr			
180	185	190	
Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val			
195	200	205	
Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg			
210	215	220	
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
245	250	255	
Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
260	265	270	
Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu			
275	280	285	
Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly			
290	295	300	
Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Thr Gln Leu Lys			
325	330	335	
Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser			
340	345	350	
Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn			
355	360	365	

Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
370 375 380

Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415

Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Ser Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
450 455 460

Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575

Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu

610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655

 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720

 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780

 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845

 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910

 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975

 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035

 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095

 Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr

1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile		
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr		
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp		
1325	1330	1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 181

<211> 1336

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 181

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Thr Asp Asp Asp Lys Asn

100 105 110

Phe Asp Ser His Pro Ile Phe Gly Asn Lys Ala Glu Glu Asp Ala Tyr

115 120 125

His Gln Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Ala

165 170 175

Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ala Asp Phe Val Gly Val Tyr

180 185 190

Asp Arg Thr Phe Asp Asp Ser His Leu Ser Glu Ile Thr Val Asp Ala

195	200	205	
Ser Ser Ile Leu Thr Glu Lys Ile Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Lys			
210	215	220	
Leu Ile Asn Asn Tyr Pro Lys Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn			
225	230	235	240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe			
245	250	255	
Lys Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu			
260	265	270	
Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp			
275	280	285	
Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly			
290	295	300	
Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Lys Arg Tyr Ala Glu His His Glu Asp Leu Glu Lys Leu Lys			
325	330	335	
Glu Phe Ile Lys Ala Asn Lys Pro Glu Leu Tyr His Asp Ile Phe Lys			
340	345	350	
Asp Glu Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys			
355	360	365	
Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Thr Leu Ser Lys Ile Ala			
370	375	380	
Gly Ser Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu			
405	410	415	
Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Asp Tyr Tyr Pro Phe			
420	425	430	
Leu Lys Glu Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile			
435	440	445	

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Asn Ser Arg Phe Ala Trp
450 455 460

Ala Glu Tyr His Ser Asp Glu Ala Val Thr Pro Trp Asn Phe Asp Gln
465 470 475 480

Val Ile Asp Lys Glu Ser Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu His Met Thr
485 490 495

Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Pro Leu Tyr Glu Lys Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Lys
515 520 525

Tyr Val Thr Glu Ile Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Leu Lys
530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Leu Phe Lys His Glu Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Lys Lys Leu Arg Thr Phe Leu Asp Lys Asn Phe Asp Glu Phe Arg Ile
565 570 575

Val Asp Ile Gln Gly Leu Asp Lys Glu Thr Glu Thr Phe Asn Ala Ser
580 585 590

Tyr Ala Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Val Ile Lys Asp Lys Val Phe
595 600 605

Met Asp Asn Pro Glu Asn Ala Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val Leu Thr
610 615 620

Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Lys
625 630 635 640

Tyr Ala Asp Val Phe Asp Lys Lys Val Ile Asp Gln Leu Ala Arg Arg
645 650 655

His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Asn Gly Ile
660 665 670

Arg Asp Lys Gln Ser Cys Lys Thr Ile Met Asp Tyr Leu Ile Asp Asp
675 680 685

Ala Gln Ser Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Thr Asp Asp Asn Leu

690	695	700	
Thr Phe Lys Asp Asp Ile Val Lys Ala Gln Tyr Val Asp Asn Ser Asp			
705	710	715	720
Asp Leu His Gln Val Val Gln Ser Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys			
725	730	735	
Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val			
740	745	750	
Met Gly Lys Glu Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn			
755	760	765	
Gln Thr Thr Ala Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg			
770	775	780	
Leu Lys Glu Ala Ile Lys Asp Leu Asn His Lys Ile Leu Lys Glu His			
785	790	795	800
Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asn Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr			
805	810	815	
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ser Leu Asp Ile Asn			
820	825	830	
Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Val Ile Pro Gln Ala Phe Ile			
835	840	845	
Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Ala Asn			
850	855	860	
Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Glu Asp Val Val Asn Arg Met			
865	870	875	880
Arg Pro Phe Trp Asn Lys Leu Leu Ser Ser Gly Leu Ile Ser Gln Arg			
885	890	895	
Lys Tyr Asn Asn Leu Thr Lys Lys Glu Leu Thr Leu Asp Asp Lys Ala			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Arg Met Leu Asp Glu Arg Phe Asn Lys Glu Phe Asp Asp Asn			
930	935	940	

Asn Lys Arg Ile Arg Arg Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Ser Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Val
 980 985 990
 Lys Ala Leu Leu Val Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005

 Gly Glu Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Glu Arg Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Gln Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Met Phe Lys Ser
 1025 1030 1035
 Lys Val Lys Leu Ala Asp Asp Gln Ile Val Glu Arg Pro Met Ile
 1040 1045 1050
 Glu Val Asn Asp Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asp Lys Thr Lys
 1055 1060 1065

 His Ile Thr Thr Val Lys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn
 1070 1075 1080
 Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly Leu Phe Asp Pro
 1085 1090 1095
 Lys Ser Pro Leu Glu Lys Leu Val Pro Leu Lys Lys Ala Leu Asn
 1100 1105 1110
 Pro Glu Lys Tyr Gly Gly Tyr Gln Lys Pro Thr Thr Ala Tyr Pro
 1115 1120 1125

 Ile Leu Leu Ile Val Asp Thr Lys Gln Leu Ile Pro Ile Ser Val
 1130 1135 1140
 Met Asp Lys Lys Arg Phe Glu Gln Asn Pro Val Lys Phe Leu Lys
 1145 1150 1155
 Asp Lys Gly Tyr Gln Gln Ile Glu Lys Asn Asn Phe Val Lys Leu
 1160 1165 1170
 Pro Lys Tyr Thr Leu Val Asp Ile Gly Asn Gly Ile Lys Arg Leu

1175	1180	1185
Trp Ala Ser Ser Lys Glu Val	His Lys Gly Asn Gln	Leu Val Val
1190	1195	1200
Ser Lys Lys Ser Gln Asp Leu	Leu Tyr His Ala His	His Leu Asp
1205	1210	1215
Asn Asp Tyr Ser Asn Glu Tyr	Val Lys Asn His Tyr	Gln Gln Phe
1220	1225	1230
Asp Ile Leu Phe Asn Glu Ile	Thr Ser Phe Ser Lys	Lys Cys Lys
1235	1240	1245
Leu Gly Lys Glu His Ile Gln	Lys Ile Glu Glu Ala	Tyr Ser Lys
1250	1255	1260
Glu Arg Asp Ser Ala Ser Ile	Glu Glu Leu Ala Asp	Gly Phe Ile
1265	1270	1275
Lys Leu Leu Gly Phe Thr Gln	Leu Gly Ala Thr Ser	Pro Phe Ser
1280	1285	1290
Phe Leu Gly Ile Lys Leu Asn	Gln Lys Gln Tyr Thr	Gly Lys Lys
1295	1300	1305
Asp Tyr Leu Glu Ala Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu
1310	1315	1320
Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu	Ser Lys Leu Gly Gly	Asp
1325	1330	1335
<210>	182	
<211>	1345	
<212>	PRT	
<213>	Streptococcus mutans	
<400>	182	
Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1	5	10
15		
Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met		
20	25	30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu		

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg
 100 105 110
 Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr
 115 120 125
 Tyr Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr
 165 170 175
 Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr
 180 185 190
 Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

 275 280 285

Leu Phe Thr Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Ala Asp Asp Ser Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu

 595 600 605
 Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg

 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780

Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

785 790 795 800

Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

820 825 830

Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys

865 870 875 880

Pro Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

885 890 895

Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp

900 905 910

Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925

Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp

930 935 940

Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960

Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990

Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe

995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Glu Glu Asn Lys

1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025	1030	1035
Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr	Asp Lys Asn Gly Glu	Ile Ile Trp
1040	1045	1050
Lys Lys Asp Glu His Ile Ser	Asn Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1055	1060	1065
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys	Lys Val Glu Glu Gln	Thr Gly Gly
1070	1075	1080
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1085	1090	1095
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys	Phe Tyr Trp Asp Thr	Lys Lys Tyr
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile	Val Ala Tyr Ser Ile	Leu Val Ile
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile	Met Glu Lys Met Thr	Phe Glu Arg
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu	Arg Lys Gly Tyr Arg	Asn Val Gln
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Arg	Glu Leu Gln
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu	Pro Asn His Leu Gly	Thr Leu Leu
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His	Lys Val Asp Glu Pro	Lys His Leu
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys	Asp Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Asp
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys	Lys Tyr Thr Leu Ala	Glu Gly Asn
1250	1255	1260

Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp

1265 1270 1275

Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr

1280 1285 1290

Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile

1295 1300 1305

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr

1310 1315 1320

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1325 1330 1335

Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1340 1345

<210> 183

<211> 1345

<212> PRT

<213> Streptococcus mutans

<400> 183

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Asn Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Met Gly Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Asp Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Glu Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr

165 170 175

Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val

195 200 205

Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245 250 255

Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu

275 280 285

Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Val Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

305 310 315 320

Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu His Gln Met Asp Leu Thr Gln Leu Lys

325 330 335

Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser

340 345 350

Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn

355 360 365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu

370 375 380
Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415
Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Ser Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp
450 455 460
Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu
465 470 475 480
Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr
485 490 495
Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510
Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525
Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
530 535 540
Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560
Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575
Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ala Ser
580 585 590
Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Cys Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu
595 600 605

Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr

 625 630 635 640
 Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser

 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met
 740 745 750
 Gly His Gln Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
 785 790 795 800
 Val Glu Asn Ser Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr

 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Asp Val Val Arg Lys Met Lys
 865 870 875 880
 Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys

 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp
 900 905 910
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925
 Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Thr Glu Thr Asp
 930 935 940
 Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser

 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys

 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp
 1040 1045 1050
 Lys Lys Asp Glu His Ile Ser Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1055 1060 1065
 Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly

 1070 1075 1080
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu
 1085 1090 1095

Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr		
1100	1105	1110
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile		
1115	1120	1125
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1130	1135	1140
Ala Leu Val Gly Val Thr Ile Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg		
1145	1150	1155
Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln		
1160	1165	1170
Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu		
1175	1180	1185
Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln		
1190	1195	1200
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu		
1205	1210	1215
Tyr His Ala Lys Asn Ile His Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu		
1220	1225	1230
Asp Tyr Val Asp Lys His Lys Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp		
1235	1240	1245
Val Val Ser Asn Phe Ser Lys Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn		
1250	1255	1260
Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp		
1265	1270	1275
Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		
1280	1285	1290
Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile		
1295	1300	1305
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Thr Glu Ile Leu Lys Ala Thr		
1310	1315	1320
Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp		

1325 1330 1335
 Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1340 1345
 <210> 184
 <211> 1338
 <212> PRT
 <213> Streptococcus mutans
 <400> 184
 Met Asp Leu Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Val Thr Asp
 1 5 10 15
 Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp
 20 25 30
 Lys Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser
 35 40 45
 Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg
 50 55 60
 Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala
 65 70 75 80
 Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Asp
 85 90 95
 Ser Phe Leu Val Thr Glu Asp Lys Arg Gly Glu Arg His Pro Ile Phe
 100 105 110
 Gly Asn Leu Glu Glu Glu Val Lys Tyr His Glu Asn Phe Pro Thr Ile
 115 120 125
 Tyr His Leu Arg Gln Tyr Leu Ala Asp Asn Pro Glu Lys Val Asp Leu
 130 135 140
 Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His Ile Ile Lys Phe Arg Gly His
 145 150 155 160
 Phe Leu Ile Glu Gly Lys Phe Asp Thr Arg Asn Asn Asp Val Gln Arg
 165 170 175
 Leu Phe Gln Glu Phe Leu Ala Val Tyr Asp Asn Thr Phe Glu Asn Ser
 180 185 190

Ser Leu Gln Glu Gln Asn Val Gln Val Glu Glu Ile Leu Thr Asp Lys
195 200 205

Ile Ser Lys Ser Ala Lys Lys Asp Arg Val Leu Lys Leu Phe Pro Asn
210 215 220

Glu Lys Ser Asn Gly Arg Phe Ala Glu Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly
225 230 235 240

Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe Glu Leu Glu Glu Lys Ala Pro
245 250 255

Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu Glu Glu Leu Glu Val Leu Leu
260 265 270

Ala Gln Ile Gly Asp Asn Tyr Ala Glu Leu Phe Leu Ser Ala Lys Lys
275 280 285

Leu Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly Ile Leu Thr Val Thr Asp Val
290 295 300

Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Gln Arg Tyr Asn Glu
305 310 315 320

His Gln Met Asp Leu Ala Gln Leu Lys Gln Phe Ile Arg Gln Lys Leu
325 330 335

Ser Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Ser Asp Val Ser Lys Asp Gly Tyr
340 345 350

Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr
355 360 365

Leu Lys Gly Leu Leu Asn Lys Ile Glu Gly Ser Gly Tyr Phe Leu Asp
370 375 380

Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn
385 390 395 400

Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gln Glu Met Arg Ala Ile Ile
405 410 415

Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe Leu Ala Asp Asn Gln Asp Arg
420 425 430

Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu

435 440 445
 Ala Arg Gly Lys Ser Asp Phe Ala Trp Leu Ser Arg Lys Ser Ala Asp
 450 455 460
 Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu Ile Val Asp Lys Glu Ser Ser

 465 470 475 480
 Ala Glu Ala Phe Ile Asn Arg Met Thr Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro
 485 490 495
 Asn Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Thr
 500 505 510
 Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Lys Thr Glu Gln Gly Lys
 515 520 525
 Thr Ala Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val

 530 535 540
 Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys Asp Lys Leu Met Asp Phe Leu
 545 550 555 560
 Glu Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp
 565 570 575
 Lys Glu Asn Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu
 580 585 590
 Arg Lys Ile Leu Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Ser Lys Asn Glu Lys

 595 600 605
 Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu
 610 615 620
 Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Leu Leu Thr Lys Glu
 625 630 635 640
 Gln Val Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu
 645 650 655
 Ser Ala Glu Leu Ile His Gly Ile Arg Asn Lys Glu Ser Arg Lys Thr

 660 665 670
 Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Asn Ser Asn Arg Asn Phe Met
 675 680 685

Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys
690 695 700

Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asn Leu Asn Gln Val Val Ser Asp
705 710 715 720

Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys
725 730 735

Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met Gly His Gln Pro Glu Asn Ile
740 745 750

Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg
755 760 765

Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Gly Leu Thr Asp Ser Ile Lys Glu Phe
770 775 780

Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu His Ser Gln Leu Gln
785 790 795 800

Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr
805 810 815

Thr Gly Glu Glu Leu Asp Ile Asp Tyr Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp
820 825 830

His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg
835 840 845

Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro
850 855 860

Ser Lys Asn Val Val Arg Lys Met Lys Ser Tyr Trp Ser Lys Leu Leu
865 870 875 880

Ser Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala
885 890 895

Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Asp Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg
900 905 910

Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu
915 920 925

Asp Glu Arg Phe His Thr Glu Thr Asp Glu Asn Asn Lys Lys Ile Arg

930 935 940
Gln Val Lys Ile Val Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg
945 950 955 960
Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr His His
965 970 975
Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Ile Gly Lys Ala Leu Leu Gly

980 985 990
Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro His
995 1000 1005
Phe His Gly His Lys Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Phe Phe
1010 1015 1020
Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Lys Asp Asp Val Arg Thr
1025 1030 1035
Asp Lys Asn Gly Glu Ile Ile Trp Lys Lys Asp Glu His Ile Ser

1040 1045 1050
Asn Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn Ile Val Lys
1055 1060 1065
Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu
1070 1075 1080
Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile Pro Arg Lys Thr Lys Lys
1085 1090 1095
Phe Tyr Trp Asp Thr Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Ile

1100 1105 1110
Val Ala Tyr Ser Ile Leu Val Ile Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys
1115 1120 1125
Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys Ala Leu Val Gly Val Thr Ile
1130 1135 1140
Met Glu Lys Met Thr Phe Glu Arg Asp Pro Val Ala Phe Leu Glu
1145 1150 1155
Arg Lys Gly Tyr Arg Asn Val Gln Glu Glu Asn Ile Ile Lys Leu

1160 1165 1170

Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Lys Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Leu
1175 1180 1185

Leu Ala Ser Ala Arg Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu
1190 1195 1200

Pro Asn His Leu Gly Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Ile His
1205 1210 1215

Lys Val Asp Glu Pro Lys His Leu Asp Tyr Val Asp Lys His Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Lys Glu Leu Leu Asp Val Val Ser Asn Phe Ser Lys
1235 1240 1245

Lys Tyr Thr Leu Ala Glu Gly Asn Leu Glu Lys Ile Lys Glu Leu
1250 1255 1260

Tyr Ala Gln Asn Asn Gly Glu Asp Leu Lys Glu Leu Ala Ser Ser
1265 1270 1275

Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala Ile Gly Ala Pro Ala Thr
1280 1285 1290

Phe Lys Phe Phe Asp Lys Asn Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser
1295 1300 1305

Thr Thr Glu Ile Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr
1310 1315 1320

Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1325 1330 1335

<210> 185

<211> 1362

<212> PRT

<213> Streptococcus oralis

<400> 185

Glu Asn Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Arg Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Ala Arg Arg Leu
 50 55 60

 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Ile Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125

 His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Asp Thr Phe Asp Ile
 165 170 175
 Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr
 180 185 190

 Asn Asn Thr Phe Glu Gly Asn Ser Leu Ser Gly Gln Asn Val Gln Val
 195 200 205
 Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255

 Asp Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Arg Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp
 275 280 285

Leu Phe Val Ala Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

 Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Thr Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Lys Thr Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ser Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380

 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Ser Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Arg Gln

530 535 540
 Lys Lys Asp Ile Phe Tyr Thr Leu Phe Lys Ala Glu Asp Lys Arg Lys
 545 550 555 560
 Val Thr Glu Lys Asp Ile Ile Gln Tyr Leu His Thr Val Asp Gly Tyr
 565 570 575

 Asp Gly Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu
 580 585 590
 Ser Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met
 595 600 605
 Asp Asp Pro Asn Asn Glu Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu
 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr
 625 630 635 640

 Asp Ser Leu Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ser Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asp Lys Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Asn Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Glu Leu Ser
 690 695 700

 Phe Lys Glu Ile Ile Lys Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asp Asp
 705 710 715 720
 Val Lys Gln Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Leu Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly His Glu Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765

 Thr Thr Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile
 770 775 780

Glu Asp Ser Leu Lys Ile Leu Ala Ser Lys Ile Leu Lys Glu His Pro
785 790 795 800

Thr Asp Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Lys Pro Leu Asp Ile Asn Gln
820 825 830

Leu Ser Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile Lys
835 840 845

Asp Asp Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Leu Lys Asp Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Glu Lys Met Lys
865 870 875 880

Thr Phe Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Tyr Arg Lys
885 890 895

Phe Asn Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp
900 905 910

Lys Val Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
915 920 925

Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Tyr Asn Thr Glu Val Asn
930 935 940

Glu Lys Asp Lys Lys Asn Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser
945 950 955 960

Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Ile Arg
965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
980 985 990

Val Ala Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe
995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Asp Pro Lys
1010 1015 1020

Glu Ile Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu

1025	1030	1035
Leu Asn Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile		
1040	1045	1050
Val Lys Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile		
1055	1060	1065
Ala Trp Asn Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Val Leu		
1070	1075	1080
Ser Leu Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Arg Glu Val Gln Thr		
1085	1090	1095
Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp		
1100	1105	1110
Lys Leu Ile Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Leu Trp Asp Thr Thr		
1115	1120	1125
Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Val Ile Ala Tyr Ser Ile Leu		
1130	1135	1140
Leu Ile Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Arg Leu Lys Thr		
1145	1150	1155
Val Lys Thr Leu Val Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys Ala Thr Phe		
1160	1165	1170
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Phe Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His Asn		
1175	1180	1185
Val Arg Lys Glu Asn Ile Leu Cys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe		
1190	1195	1200
Glu Leu Lys Asn Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Lys Glu		
1205	1210	1215
Leu Gln Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Val His Leu Thr Thr		
1220	1225	1230
Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Ile His Arg Leu Asp Glu Pro Glu		
1235	1240	1245
His Leu Glu Tyr Ile Gln Lys His Arg Asn Glu Phe Lys Gly Leu		
1250	1255	1260

Leu Asn Leu Val Ser Glu Phe Ser Gln Lys Tyr Val Leu Ala Asp

1265 1270 1275

Ala Asn Leu Glu Lys Ile Lys Asn Leu Tyr Ala Asp Asn Glu Gln

1280 1285 1290

Ala Asp Ile Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr

1295 1300 1305

Phe Thr Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys

1310 1315 1320

Asp Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn

1325 1330 1335

Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg

1340 1345 1350

Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360

<210> 186

<211> 1360

<212> PRT

<213> Streptococcus oralis

<400> 186

Glu Asn Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Arg Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Ala Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Arg

100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Ala Glu Glu Lys Glu Tyr		
115	120	125
His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp		
130	135	140
Ser Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His		
145	150	155
Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Asp Thr Phe Asp Ile		
165	170	175
Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Ser Glu Phe Ile Ser Ile Tyr		
180	185	190
Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val		
195	200	205
Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg		
210	215	220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu		
225	230	235
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe		
245	250	255
Asp Leu Gly Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp		
260	265	270
Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp		
275	280	285
Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly		
290	295	300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser		
305	310	315
Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Val Leu Lys		
325	330	335
Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser		
340	345	350

Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380
 Gly Thr Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400

 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Asp Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460

 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Glu Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525

 Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
 530 535 540
 Lys Lys Gln Ile Val Thr Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Glu Lys Asp Ile Ile Gln Phe Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly
 565 570 575
 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
 580 585 590

 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp

595 600 605
 Ser Lys Asn Glu Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Ile Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655

 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asp Gly Ile Cys Asp Lys
 660 665 670
 Gln Thr Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Lys Asn
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Glu Ile Thr Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asp Asp Val Lys
 705 710 715 720

 Gln Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His
 740 745 750
 Thr Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp
 770 775 780

 Ala Leu Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asn
 785 790 795 800
 Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Lys Pro Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser
 820 825 830
 Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845

Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Leu Lys Asp Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe

865 870 875 880

Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val

900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Lys Glu Val Asn Glu Lys

930 935 940

Asp Lys Lys Asn Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu

945 950 955 960

Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965 970 975

Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala

980 985 990

Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005

Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Arg Asn Pro Lys Glu Val

1010 1015 1020

Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn

1025 1030 1035

Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Val Lys

1040 1045 1050

Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp

1055 1060 1065

Asn Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr

1070 1075 1080

Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Arg Glu Val Gln Thr Gly Gly

1085	1090	1095
Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1100	1105	1110
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile Leu Trp Glu Thr Thr Lys Tyr		
1115	1120	1125
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Val Ile Ala Tyr Ser Ile Leu Leu Ile		
1130	1135	1140
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys		
1145	1150	1155
Thr Leu Val Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys Ala Ala Phe Glu Glu		
1160	1165	1170
Asn Pro Ile Thr Phe Leu Glu Asn Lys Gly Tyr His Asn Val Arg		
1175	1180	1185
Lys Glu Asn Ile Leu Cys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu		
1190	1195	1200
Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu Gln		
1205	1210	1215
Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Val Tyr Leu Thr Thr Leu Leu		
1220	1225	1230
Tyr His Ser Lys Asn Val His Lys Leu Asp Glu Pro Glu His Leu		
1235	1240	1245
Glu Tyr Ile Gln Lys His Arg Asn Glu Phe Lys Asp Leu Leu Asn		
1250	1255	1260
Leu Val Ser Glu Phe Ser Gln Lys Tyr Val Leu Ala Asp Ala Asn		
1265	1270	1275
Leu Glu Lys Ile Gln Asn Leu Tyr Ala Asp Asn Glu Gln Ala Asp		
1280	1285	1290
Ile Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr		
1295	1300	1305
Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Ile		
1310	1315	1320

Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn Ala Thr
1325 1330 1335

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1340 1345 1350

Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
1355 1360

<210> 187

<211> 1358

<212> PRT

<213> Streptococcus parasanguinis

<400> 187

Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly
1 5 10 15
Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met Lys
20 25 30

Val Leu Gly Asn Thr Asn Lys Glu Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly
35 40 45
Ala Leu Leu Phe Asp Ala Gly Asn Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu Lys
50 55 60
Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Glu Ile Phe Ala Ala Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Ser Phe
85 90 95

Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg Gly
100 105 110
Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Gly Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr His
115 120 125
Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr Tyr Leu Arg Lys Ile Leu Ala Asp Ser
130 135 140
Lys Glu Lys Val Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Ile
145 150 155 160

Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Asp Ser Phe Asp Ile Lys
 165 170 175
 Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Thr Ile Leu Tyr Asp
 180 185 190
 Asn Thr Phe Glu Glu Ser Ser Leu Ser Lys Gly Asn Ala Gln Val Glu
 195 200 205
 Glu Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Asp Arg Val
 210 215 220

 Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu Phe
 225 230 235 240
 Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe Asp
 245 250 255
 Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu Glu
 260 265 270
 Asp Leu Glu Ser Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Val Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285

 Phe Val Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ala Gly Ile
 290 295 300
 Leu Ser Val Lys Asp Pro Gly Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Glu Arg Tyr Asp Asn His Gln Asn Asp Leu Ser Ala Leu Lys Gln
 325 330 335
 Phe Val Arg Arg Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Ala Glu Val Phe Ser Asp
 340 345 350

 Asp Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln
 355 360 365
 Glu Gly Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Ile Ser Lys Ile Glu Gly
 370 375 380
 Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gln

405										410					415				
Glu	Met	Asn	Ala	Ile	Leu	Arg	His	Gln	Gly	Glu	Tyr	Tyr	Pro	Phe	Leu				
420					425					430									
Lys	Glu	Asn	Lys	Asp	Lys	Ile	Glu	Gln	Ile	Leu	Thr	Phe	Arg	Ile	Pro				
435				440					445										
Tyr	Tyr	Val	Gly	Pro	Leu	Ala	Arg	Gly	Asn	Ser	Asp	Phe	Ala	Trp	Leu				
450			455					460											
Ser	Arg	Asn	Ser	Asp	Glu	Ala	Ile	Arg	Pro	Trp	Asn	Phe	Glu	Glu	Met				
465				470					475					480					
Val	Asp	Lys	Ser	Ser	Ser	Ala	Glu	Asp	Phe	Ile	His	Arg	Met	Thr	Asn				
485					490					495									
Tyr	Asp	Leu	Tyr	Leu	Pro	Glu	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Lys	His	Ser	Leu				
500				505					510										
Leu	Tyr	Glu	Thr	Phe	Thr	Val	Tyr	Asn	Glu	Leu	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr				
515			520					525											
Ile	Ala	Glu	Gly	Met	Lys	Asp	Tyr	Gln	Phe	Leu	Asp	Ser	Gly	Gln	Lys				
530			535					540											
Lys	Gln	Ile	Val	Asn	Gln	Leu	Phe	Lys	Glu	Lys	Arg	Lys	Val	Thr	Glu				
545				550					555					560					
Lys	Asp	Ile	Ile	His	Tyr	Leu	His	Asn	Val	Asp	Gly	Tyr	Asp	Gly	Ile				
565					570					575									
Glu	Leu	Lys	Gly	Ile	Glu	Lys	His	Phe	Asn	Ser	Ser	Leu	Ser	Thr	Tyr				
580				585					590										
His	Asp	Leu	Leu	Lys	Ile	Ile	Lys	Asp	Lys	Glu	Phe	Met	Asp	Asp	Pro				
595				600					605										
Lys	Asn	Glu	Glu	Ile	Phe	Glu	Asn	Ile	Val	His	Thr	Leu	Thr	Ile	Phe				
610			615					620											
Glu	Asp	Arg	Val	Met	Ile	Lys	Gln	Arg	Leu	Asn	Gln	Tyr	Asp	Ser	Ile				
625				630					635					640					
Phe	Asp	Glu	Lys	Val	Ile	Lys	Ala	Leu	Thr	Arg	Arg	His	Tyr	Thr	Gly				
645					650					655									

Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Lys
660 665 670

Thr Ser Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Tyr Ser Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys Glu
690 695 700

Thr Ile Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Glu Thr Asn Asp Val Lys Gln
705 710 715 720

Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Ala
740 745 750

Pro Glu Ser Val Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn
755 760 765

Lys Gly Lys Ser Lys Ser Gln Gln Arg Leu Lys Thr Leu Ser Asp Ala
770 775 780

Ile Ser Glu Leu Gly Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Ile
785 790 795 800

Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
805 810 815

Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser Asn Tyr
820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser Leu
835 840 845

Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys Ser Asp
850 855 860

Asn Val Pro Ser Leu Glu Ile Val Glu Lys Met Lys Gly Phe Trp Gln
865 870 875 880

Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn Asn Leu
885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val Gly Phe

900	905	910	
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala			
915	920	925	
Gln Ile Leu Asp Asp Arg Phe Asn Ala Glu Val Asn Glu Lys Asn Gln			
930	935	940	
Lys Leu Arg Ser Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser			
945	950	955	960
Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp			
965	970	975	
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys Ala			
980	985	990	
Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp			
995	1000	1005	
Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Thr Lys Asp Pro Lys Glu Ile Glu Lys			
1010	1015	1020	
Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn Phe Phe			
1025	1030	1035	
Lys Asp Lys Val Tyr Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Ile Gln Arg Gly			
1040	1045	1050	
Asn Val Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys			
1055	1060	1065	
Lys Arg Asp Phe Ala Ile Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln			
1070	1075	1080	
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Phe Ser			
1085	1090	1095	
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu Ile Pro			
1100	1105	1110	
Arg Lys Thr Lys Asn Val Gln Leu Asp Thr Thr Lys Tyr Gly Gly			
1115	1120	1125	
Phe Asp Ser Pro Val Ile Ala Tyr Ser Ile Leu Leu Val Ala Asp			
1130	1135	1140	

Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Thr Val Lys Ser Leu

1145 1150 1155

Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys Val Lys Phe Glu Ala Asn Pro

1160 1165 1170

Val Ala Phe Leu Glu Gly Lys Gly Tyr Gln Asn Val Val Glu Glu

1175 1180 1185

Asn Ile Ile Arg Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn

1190 1195 1200

Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu Gln Lys Gly

1205 1210 1215

Asn Glu Met Val Leu Pro Ser Tyr Leu Ile Ala Leu Leu Tyr His

1220 1225 1230

Ala Lys Arg Ile Gln Lys Lys Asp Glu Pro Glu His Leu Glu Tyr

1235 1240 1245

Ile Lys Gln His His Ser Glu Phe Asn Asp Leu Leu Asn Phe Val

1250 1255 1260

Ser Glu Phe Ser Gln Lys Tyr Val Leu Ala Glu Ser Asn Leu Glu

1265 1270 1275

Lys Ile Lys Asn Leu Tyr Ile Asp Asn Glu Gln Thr Asn Met Glu

1280 1285 1290

Glu Ile Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala Phe

1295 1300 1305

Gly Ala Pro Ala Val Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Ile Glu Arg

1310 1315 1320

Lys Arg Tyr Ser Thr Val Thr Glu Ile Leu Lys Ala Thr Leu Ile

1325 1330 1335

His Gln Ser Leu Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser

1340 1345 1350

Lys Leu Gly Glu Glu

1355

<210> 188

<211> 1327

<212> PRT

<213> Streptococcus parauberis

<400> 188

Met Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg Gln Thr Val Lys Lys Asn Met

1 5 10 15

Ile Gly Thr Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Arg Arg

20 25 30

Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Ile Asn Arg Ile

35 40 45

Lys Tyr Leu Gln Ser Ile Phe Asp Asp Glu Met Ser Lys Ile Asp Ser

50 55 60

Ala Phe Phe Gln Arg Ile Lys Asp Ser Phe Leu Val Pro Asp Asp Lys

65 70 75 80

Asn Asp Asp Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Lys Asp Glu Val Asp

85 90 95

Tyr His Lys Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala

100 105 110

Asp Ser Asp Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala

115 120 125

His Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asp

130 135 140

Ser Gln Asn Thr Asp Val Asn Ala Leu Phe Leu Lys Leu Val Asp Thr

145 150 155 160

Tyr Asn Leu Met Phe Glu Asp Asp Ile Asp Thr Gln Thr Ile Asp Ala

165 170 175

Thr Val Ile Leu Thr Glu Lys Met Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

180 185 190

Leu Ile Ala Lys Ile Pro Asn Gln Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn

195 200 205

Leu Ile Ser Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ala Asn Phe

210 215 220

Glu Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Ser Lys Glu Ser Phe Glu
225 230 235 240

Glu Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp
245 250 255

Leu Phe Ile Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp
260 265 270

Ile Leu Thr Val Lys Gly Val Asn Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
275 280 285

Met Val Gln Arg Phe Asn Glu His Gln Asp Asp Leu Lys Leu Leu Lys
290 295 300

Lys Leu Val Lys Val Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Asp
305 310 315 320

Ile Lys Asp Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asn Gly Lys Thr Ser
325 330 335

Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Ser Lys Leu Lys
340 345 350

Gly Ala Glu Ser Leu Ile Ser Lys Leu Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
355 360 365

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
370 375 380

Asn Glu Leu Lys Ser Ile Ile Arg Arg Gln Glu Lys Tyr Tyr Pro Phe
385 390 395 400

Leu Lys Asp Lys Gln Val Arg Ile Glu Lys Ile Phe Thr Phe Arg Ile
405 410 415

Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Asn Ser Ser Phe Ala Trp
420 425 430

Val Lys Arg Arg Ser Asn Glu Ser Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu
435 440 445

Val Val Glu Gln Glu Ala Ser Ala Lys Val Phe Ile Glu Arg Met Thr
450 455 460

Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

465 470 475 480
 Leu Leu Tyr Glu Met Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 485 490 495

 Tyr Gln Ala Glu Gly Met Arg Lys Pro Glu Phe Leu Ser Ser Glu Glu
 500 505 510
 Lys Ile Glu Ile Val Ser Asn Leu Phe Lys Thr Glu Arg Lys Val Thr
 515 520 525
 Val Lys Gln Leu Lys Glu Asn Tyr Phe Asn Lys Ile Arg Cys Leu Asp
 530 535 540
 Ser Ile Thr Ile Ser Gly Val Glu Asp Lys Phe Asn Ala Ser Leu Gly
 545 550 555 560

 Thr Tyr His Asp Leu Leu Asn Ile Ile Lys Asn Gln Lys Ile Leu Asp
 565 570 575
 Asp Glu Gln Asn Gln Asp Ser Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr
 580 585 590
 Leu Phe Glu Asp Glu Lys Met Ile Ala Lys Arg Leu Ser Lys Tyr Glu
 595 600 605
 Ser Ile Phe Asp Pro Ser Ile Leu Lys Lys Leu Lys Lys Arg His Tyr
 610 615 620

 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 625 630 635 640
 Lys Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Ile Asp Gly Gln Ala
 645 650 655
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Pro Ser Leu Asp Phe Ala
 660 665 670
 Ser Ile Ile Lys Glu Ala Gln Glu Lys Thr Ile Lys Ser Glu Lys Leu
 675 680 685

 Glu Glu Thr Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
 690 695 700
 Ile Leu Gln Ser Val Lys Ile Val Asp Glu Val Val Lys Val Met Gly
 705 710 715 720

Tyr Glu Pro Ser Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Ser
 725 730 735
 Thr Gln Arg Gly Ile Asn Asn Ser Arg Glu Arg Leu Arg Lys Leu Glu
 740 745 750

 Glu Val His Lys Asn Ile Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu His Glu Ile
 755 760 765
 Ser Asn Ala Gln Leu Gln Ser Asp Arg Val Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln
 770 775 780
 Asp Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Asp Leu Asp Phe Asp Arg Leu
 785 790 795 800
 Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp
 805 810 815

 Asn Ser Ile Asp Asn Ile Val Leu Thr Ser Gln Glu Ser Asn Arg Gly
 820 825 830
 Lys Ser Asp Asn Val Pro Tyr Ile Ala Ile Val Asn Lys Met Lys Ser
 835 840 845
 Tyr Trp Gln His Gln Leu Lys Ser Gly Ala Ile Ser Gln Arg Lys Phe
 850 855 860
 Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Tyr Asp Lys
 865 870 875 880

 Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
 885 890 895
 His Val Ala Gln Ile Leu Asn Asn Arg Phe Asn Asn Asn Val Asp Asp
 900 905 910
 Ser Ser Lys Asn Lys Arg Pro Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Lys
 915 920 925
 Met Val Ser Asp Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys Ile Arg Glu
 930 935 940

 Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val
 945 950 955 960
 Gly Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe Val

965						970						975					
Tyr	Gly	Asp	Tyr	Lys	His	Tyr	Asp	Leu	Ser	Asp	Thr	Ser	Leu	Gly	Lys		
980						985						990					
Ala	Thr	Ala	Lys	Met	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe	Lys		
995						1000						1005					
Lys	Glu	Val	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Thr	Val	Ile	Thr	Arg	Pro	Gln			
1010						1015						1020					
Ile	Glu	Thr	Asn	Thr	Glu	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	Lys	Val			
1025						1030						1035					
Lys	Asp	Ile	Lys	Thr	Ile	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Ile	Pro	Gln	Ile			
1040						1045						1050					
Asn	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Val	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys			
1055						1060						1065					
Glu	Ser	Ile	Leu	Ser	Lys	Arg	Asp	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Pro	Arg			
1070						1075						1080					
Lys	Asn	Asn	Trp	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro			
1085						1090						1095					
Ile	Ile	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	Lys	Val	Thr	Lys	Gly			
1100						1105						1110					
Lys	Ser	Gln	Lys	Thr	Lys	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Val	Gly	Ile	Thr			
1115						1120						1125					
Ile	Met	Glu	Gln	Asn	Glu	Phe	Glu	Lys	Asp	Arg	Ile	Thr	Phe	Leu			
1130						1135						1140					
Glu	Lys	Lys	Gly	Tyr	Gln	Asp	Ile	Gln	Glu	Ser	Leu	Ile	Ile	Lys			
1145						1150						1155					
Leu	Pro	Lys	Phe	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg	Lys	Arg			
1160						1165						1170					
Leu	Leu	Ala	Ser	Glu	Leu	Gln	Lys	Gly	Asn	Glu	Leu	Ser	Leu	Pro			
1175						1180						1185					
Asn	Lys	Tyr	Ile	Gln	Phe	Leu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Arg	Tyr	Thr	Ser			
1190						1195						1200					

Phe Ser Gly Lys Glu Glu Asp Arg Glu Lys His Arg His Phe Val
 1205 1210 1215
 Glu Ser His Leu His Tyr Phe Asp Glu Ile Lys Asp Ile Ile Ala
 1220 1225 1230
 Asp Phe Ser Arg Arg Tyr Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys
 1235 1240 1245

 Ile Leu Thr Leu Tyr Asn Glu Lys Asn Gln Phe Ser Ile Glu Glu
 1250 1255 1260
 Gln Ala Thr Asn Met Leu Asn Leu Phe Thr Phe Thr Gly Leu Gly
 1265 1270 1275
 Ala Pro Ala Thr Leu Lys Phe Phe Asn Val Asp Ile Asp Arg Lys
 1280 1285 1290
 Arg Tyr Thr Ser Ser Thr Glu Ile Leu Asn Ser Thr Leu Ile Arg
 1295 1300 1305

 Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys
 1310 1315 1320
 Ile Gly Gly Asp
 1325
 <210> 189
 <211> 1355
 <212> PRT
 <213> Streptococcus phocae
 <400> 189

 Lys Lys Ser Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met Lys
 20 25 30

 Val Leu Gly Asn Thr Ser Arg Gln Ser Ile Lys Lys Asn Met Ile Gly
 35 40 45
 Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Gly Pro Ala Ala Ser Thr Arg Val Lys
 50 55 60
 Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Cys Tyr

65					70				75				80			
Leu	Arg	Asp	Ile	Phe	Glu	Ser	Glu	Met	His	Thr	Ile	Asp	Lys	His	Phe	
				85				90				95				
Phe	Leu	Arg	Leu	Glu	Asp	Ser	Phe	Leu	His	Lys	Ser	Asp	Lys	Arg	Tyr	
				100				105				110				
Glu	Ala	His	Pro	Ile	Phe	Gly	Thr	Leu	Gln	Glu	Glu	Lys	Ala	Tyr	His	
				115				120				125				
Asp	Asn	Tyr	Pro	Thr	Ile	Tyr	His	Leu	Arg	Lys	Ala	Leu	Ala	Asp	Asn	
				130				135				140				
Thr	Glu	Lys	Ala	Asp	Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	Leu	Ala	Leu	Ala	His	Ile	
145				150				155				160				
Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	His	Phe	Leu	Ile	Glu	Gly	Ala	Leu	Ser	Ala	Asn	
				165				170				175				
Asn	Thr	Asp	Val	Gln	Gln	Leu	Val	His	Ala	Leu	Val	Asp	Ala	Tyr	Asn	
				180				185				190				
Ile	Met	Phe	Glu	Glu	Asp	Leu	Asp	Ile	Glu	Ala	Ile	Asp	Val	Lys	Ala	
				195				200				205				
Ile	Leu	Thr	Glu	Lys	Ile	Ser	Lys	Thr	Arg	Arg	Leu	Glu	Asn	Leu	Ile	
210				215				220								
Ser	Asn	Ile	Pro	Gly	Gln	Lys	Lys	Asn	Gly	Leu	Phe	Gly	Asn	Leu	Ile	
225				230				235				240				
Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Leu	Thr	Pro	Asn	Phe	Lys	Ser	His	Phe	Asn	Leu	
				245				250				255				
Pro	Glu	Asp	Ala	Lys	Leu	Gln	Leu	Ala	Lys	Asp	Thr	Tyr	Asp	Glu	Glu	
				260				265				270				
Leu	Asn	Asn	Leu	Leu	Thr	Gln	Ile	Gly	Asp	Glu	Tyr	Ala	Asp	Leu	Phe	
				275				280				285				
Leu	Ser	Ala	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Ala	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Ile	Leu	
290				295				300								
Thr	Val	Asn	Gly	Asp	Gly	Thr	Gln	Ala	Pro	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Ile	
305				310				315				320				

Lys Arg Tyr Glu Glu His Arg Gln Asp Leu Ala Leu Leu Lys Gln Met

325 330 335

Phe Lys Glu Gln Leu Pro Asp Leu Tyr Arg Asp Val Phe Thr Asp Glu

340 345 350

Asn Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ser Gly Lys Thr Ser Gln Glu

355 360 365

Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Glu Thr Leu Asp Gly Ala

370 375 380

Glu Asp Phe Leu Thr Lys Ile Asn Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys Gln

385 390 395 400

Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu

405 410 415

Leu Gln Ala Ile Leu Glu Arg Gln Gln Ala Tyr Tyr Pro Phe Leu Lys

420 425 430

Asp Asn Gln Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr

435 440 445

Tyr Ile Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Leu Thr

450 455 460

Arg Thr Ser Asp Gln Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Glu Met Val

465 470 475 480

Asp Gln Glu Ala Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe

485 490 495

Asp Glu Tyr Leu Pro Gln Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Thr

500 505 510

Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val

515 520 525

Thr Glu Gly Met Thr Lys Pro Glu Phe Leu Ser Ala Gly Gln Lys Glu

530 535 540

Gln Ile Val Glu Leu Leu Phe Lys Lys Tyr Arg Lys Val Thr Val Lys

545 550 555 560

Gln Leu Lys Glu Asp Phe Phe Ser Lys Ile Glu Cys Phe Asp Thr Val

565	570	575
Asp Ile Ser Gly Val Glu Asp Lys Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr		
580	585	590
His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asn Ser		
595	600	605
Glu Asn Glu Asn Ile Ile Glu Asp Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu Phe		
610	615	620
Glu Asp Lys Glu Met Ile Ala Asn Arg Leu Ala Val Tyr Glu Asp Leu		
625	630	635
Phe Asp Gln Asn Val Leu Lys Gln Leu Lys Arg Arg His Tyr Thr Gly		
645	650	655
Trp Gly Arg Leu Ser Lys Gln Leu Ile Asn Gly Met Arg Asp Lys His		
660	665	670
Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ile Asn Arg		
675	680	685
Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Asn Leu Ser Phe Lys Glu Glu		
690	695	700
Ile Lys Lys Ala Gln Glu Gly Gly Leu Lys Asp Ser Ile Asn Asp Gln		
705	710	715
Ile Arg Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln		
725	730	735
Thr Ile Asn Ile Val Asp Glu Ile Val Lys Ile Met Gly Lys Ala Pro		
740	745	750
Gln His Ile Val Val Glu Met Ala Arg Asp Val Gln Lys Thr Asp Ile		
755	760	765
Gly Val Lys Gln Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Val Gln Glu Val Leu		
770	775	780
Lys Lys Leu Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Phe		
785	790	795
Gln Leu Gln Asn Glu Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys		
805	810	815

Asp Met Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Ser Ile Ser Asn Leu Ser His Tyr

820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Lys Asp Asp Ser Ile

835 840 845

Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Glu His Asn Arg Gly Lys Thr Asp

850 855 860

Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Lys Arg Met Lys Pro Tyr Trp Gln

865 870 875 880

Lys Leu Leu Asp Thr Lys Val Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu

885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Gln Glu Ser Asp Lys Ala Asn Phe

900 905 910

Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala

915 920 925

Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Arg Asp Glu Lys Asp Arg

930 935 940

Pro Ile Arg Arg Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Phe Val Ser

945 950 955 960

Asp Phe Arg Gln Asp Phe Gly Phe Tyr Lys Leu Arg Glu Ile Asn Asp

965 970 975

Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala

980 985 990

Leu Leu Lys Met Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp

995 1000 1005

Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Gly Lys Ala Ser Gly His Ala Thr

1010 1015 1020

Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Ser

1025 1030 1035

Glu Val Lys Leu Ala Asn Gly Asn Ile Ile Lys Arg Ser Pro Ile

1040 1045 1050

Glu Val Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Thr Lys

1055	1060	1065
Asp Phe Gly Thr Val Arg Lys	Val Leu Ser Ala Pro	Gln Val Asn
1070	1075	1080
Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Asn Glu
1085	1090	1095
Thr Ile Leu Ser Lys Gly Lys	Ser Ser Lys Leu Ile	Pro Arg Lys
1100	1105	1110
Asn Lys Trp Arg Asp Thr Thr	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asn Thr Pro
1115	1120	1125
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1130	1135	1140
Lys Ala Lys Lys Leu Lys Pro	Val Lys Glu Leu Val	Gly Ile Thr
1145	1150	1155
Ile Met Glu Arg Thr Lys Phe	Glu Ala Asn Pro Ile	Ala Phe Leu
1160	1165	1170
Glu Ser Lys Gly Tyr His Asp	Ile Gln Glu His Leu	Met Ile Thr
1175	1180	1185
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Arg Arg
1190	1195	1200
Leu Leu Ala Ser Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Met	Val Leu Pro
1205	1210	1215
Gln His Leu Val Thr Phe Leu	Tyr Arg Val Ser Lys	Arg Asp Lys
1220	1225	1230
Gly Thr Gln Ser Glu Asn Met	Glu Tyr Ile Ser Asn	His Lys Glu
1235	1240	1245
Lys Phe Ile Glu Ile Phe His	Tyr Ile Ile Arg Tyr	Ala Glu Lys
1250	1255	1260
Asn Val Ile Lys Pro Lys Val	Ile Glu Arg Leu Asn	Asp Thr Phe
1265	1270	1275
Asn Gln Lys Phe Asn Asp Ser	Asp Leu Thr Glu Leu	Ser Ile Ser
1280	1285	1290

Phe Leu Asn Leu Phe Lys Phe Thr Ser Phe Gly Ala Pro Glu Lys
 1295 1300 1305
 Phe Thr Phe Leu Asn Ser Glu Ile Lys Gln Asp Asp Val Arg Tyr
 1310 1315 1320
 Arg Ser Thr Lys Glu Cys Leu Asn Ser Thr Leu Ile His Gln Ser
 1325 1330 1335
 Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Phe Gly
 1340 1345 1350

Gly Asp

1355

<210> 190

<211> 1361

<212> PRT

<213> Streptococcus pseudopneumoniae

<400> 190

Ser Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Ile Ser Lys Val Asp Asn Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Thr Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125
 Tyr Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp

130	135	140	
Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Thr Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ser Phe Asp Ile			
	165	170	175
Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr			
	180	185	190
Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val			
	195	200	205
Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Thr Lys Arg Glu Arg			
	210	215	220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Gln Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
	245	250	255
Asp Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp			
	260	265	270
Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp			
	275	280	285
Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly			
	290	295	300
Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser			
305	310	315	320
Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Ala Leu Lys			
	325	330	335
Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser			
	340	345	350
Asp Gln Ser Lys Glu Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Ser Lys Thr Thr			
	355	360	365
Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Ile Asp			
	370	375	380

Gly Ala Asp Tyr Leu Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Lys Glu Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Ala Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495

 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
 530 535 540
 Lys Lys Lys Ile Ile Asn Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560

 Glu Lys Asp Leu Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly
 565 570 575
 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Arg Phe Met Asp Glu
 595 600 605
 Pro Lys Asn Gln Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620

 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Ala Ser

625 630 635 640
 Ile Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Thr Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Cys Ile Arg Asp Arg
 660 665 670
 Lys Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Tyr Asn
 675 680 685

 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700
 Glu Ile Ile Gln Glu Ser Gln Val Val Gly Lys Pro Asp Asp Val Lys
 705 710 715 720
 Gln Ile Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Ser Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Leu Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His
 740 745 750

 Asp Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp
 770 775 780
 Ser Leu Lys Ile Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp
 785 790 795 800
 Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815

 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asn Pro Leu Asp Ile Asn His Leu Ser
 820 825 830
 Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe
 865 870 875 880

Trp Gln Gln Leu Leu Glu Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asn Glu Arg Asp Lys Val
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Lys Val Asn Glu Lys
 930 935 940

 Asn Gln Lys Ile Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala
 980 985 990
 Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005

 Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Arg Asp Pro Lys Glu Ile
 1010 1015 1020
 Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn
 1025 1030 1035
 Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Val Lys
 1040 1045 1050
 Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp
 1055 1060 1065

 Asn Lys Glu Ile Asp Phe Ala Thr Ile Arg Lys Ile Leu Ser Leu
 1070 1075 1080
 Ser Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1085 1090 1095
 Leu Phe Asp Asn Asn Ile Val Ser Lys Lys Lys Val Val Asp Ala
 1100 1105 1110
 Ser Lys Leu Ile Pro Ile Lys Ser Gly Leu Ser Pro Glu Lys Tyr

1115	1120	1125
Gly Gly Tyr Ala Arg Pro Thr	Ile Ala Tyr Ser Val	Leu Val Ile
1130	1135	1140
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ala Lys Lys Leu Lys	Arg Ile Lys
1145	1150	1155
Glu Met Val Gly Ile Thr Ile	Gln Asp Lys Lys Lys	Phe Glu Ala
1160	1165	1170
Asn Pro Thr Ala Tyr Leu Glu	Glu Tyr Gly Tyr Lys	Asn Ile Asn
1175	1180	1185
Pro Asn Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Lys Phe
1190	1195	1200
Asn Asp Gly Gln Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ser Ile	Glu Leu Gln
1205	1210	1215
Lys Gly Asn Glu Leu Ile Leu	Pro Tyr His Phe Thr	Thr Leu Leu
1220	1225	1230
Tyr His Ala Gln Arg Ile Asn	Lys Ile Ser Glu Pro	Ile His Lys
1235	1240	1245
Gln Tyr Val Glu Thr His Gln	Ser Glu Phe Glu Glu	Leu Leu Thr
1250	1255	1260
Thr Ile Ile Ser Leu Ser Lys	Lys Tyr Ile Gln Lys	Pro Ile Val
1265	1270	1275
Glu Ser Leu Leu Gln Gln Ala	Phe Glu Gln Ala Asp	Lys Asp Ile
1280	1285	1290
Tyr Gln Leu Ser Glu Ser Phe	Ile Ser Leu Leu Lys	Leu Thr Ser
1295	1300	1305
Phe Gly Ala Pro Gly Ala Phe	Arg Phe Leu Gly Val	Glu Ile Ser
1310	1315	1320
Gln Ser Asn Val Arg Tyr Gln	Ser Val Ser Ser Cys	Phe Asn Ala
1325	1330	1335
Thr Leu Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Thr Arg Ile
1340	1345	1350

Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp

1355

1360

<210> 191

<211> 1361

<212> PRT

<213> Streptococcus pseudopneumoniae

<400> 191

Ser Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1

5

10

15

Gly Trp Val Ile Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20

25

30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35

40

45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Ser Ser

85

90

95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg

100

105

110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Ala Glu Glu Lys Glu Tyr

115

120

125

His Lys Asn Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp

130

135

140

Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145

150

155

160

Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ala Phe Asp Ile

165

170

175

Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Asn Ile Tyr

180

185

190

Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Glu Gln Val
 195 200 205
 Glu Ala Ile Phe Ser Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu
 225 230 235 240
 Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255

 Asp Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Gly Phe Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

 Met Ile Glu Arg Tyr Gln Asn His Gln Asn Asp Leu Ala Ser Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Val Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380

 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
 530 535 540
 Lys Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Glu Lys Asp Ile Ile Gln Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly
 565 570 575

 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp
 595 600 605
 Ser Lys Asn Glu Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser
 625 630 635 640

 Ile Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Tyr Ser
 675 680 685

Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys
 690 695 700

 Glu Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Phe Gly Lys Thr Asn Asp Val Lys
 705 710 715 720
 Gln Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Glu Glu Leu Val Lys Val Met Gly His
 740 745 750
 Glu Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765

 Thr Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asn
 770 775 780
 Ser Leu Lys Ile Leu Ala Ser Lys Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp
 785 790 795 800
 Asn Asn Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser
 820 825 830

 Ser Cys Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Glu Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Cys Leu Glu Val Val Asp Lys Met Lys Val Phe
 865 870 875 880
 Trp Gln Gln Leu Leu Asp Phe Lys Leu Ile Ser Tyr Arg Lys Phe Asn
 885 890 895

 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val
 900 905 910
 Gly Phe Ile Arg Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Phe Asn Thr Glu Val Thr Glu Lys

930	935	940	
Asp Lys Lys Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu			
945	950	955	960
Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala			
980	985	990	
Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Asp Pro Lys Asp Ile			
1010	1015	1020	
Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn			
1025	1030	1035	
Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Val Lys			
1040	1045	1050	
Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp			
1055	1060	1065	
Asn Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Ile Leu Ser Leu			
1070	1075	1080	
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly			
1085	1090	1095	
Leu Phe Asp Asn Asn Ile Val Ser Lys Lys Lys Val Val Asp Ala			
1100	1105	1110	
Ser Lys Leu Ile Pro Ile Lys Ser Gly Leu Ser Pro Glu Lys Tyr			
1115	1120	1125	
Gly Gly Tyr Ala Arg Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Ile			
1130	1135	1140	
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Thr Lys Lys Leu Lys Arg Ile Lys			
1145	1150	1155	
Glu Met Ile Gly Ile Thr Val Gln Asp Lys Lys Ile Phe Glu Ser			
1160	1165	1170	

Asn Pro	Ile Ala Tyr Leu Glu	Glu Cys Gly Tyr Lys	Asn Ile Asn
1175	1180	1185	
Pro Asn	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Phe
1190	1195	1200	
Asn Gly	Gly Gln Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ser Ile	Glu Leu Gln
1205	1210	1215	
Lys Gly	Asn Glu Leu Ile Leu	Pro Tyr His Phe Thr	Ala Leu Leu
1220	1225	1230	
Tyr His	Thr Gln Arg Ile Asn	Lys Ile Ser Glu Pro	Ile His Lys
1235	1240	1245	
Gln Tyr	Val Glu Ala His Gln	Asn Glu Phe Lys Glu	Leu Leu Thr
1250	1255	1260	
Thr Ile	Ile Ser Leu Ser Lys	Lys Tyr Ile Gln Lys	Pro Asn Val
1265	1270	1275	
Glu Ser	Leu Leu Gln Gln Ala	Phe Glu Gln Ala Asp	Lys Asp Ile
1280	1285	1290	
Tyr Gln	Leu Ser Glu Ser Phe	Ile Ser Leu Leu Lys	Leu Thr Ser
1295	1300	1305	
Phe Gly	Ala Pro Gly Ala Phe	Lys Phe Leu Gly Val	Glu Ile Ser
1310	1315	1320	
Gln Ser	Ser Val Arg Tyr Lys	Pro Asn Ser Gln Phe	Leu Asp Ala
1325	1330	1335	
Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Thr Arg Ile
1340	1345	1350	
Asp Leu	Ser Lys Leu Gly Glu	Asp	
1355	1360		
<210> 192			
<211> 1363			
<212> PRT			
<213> Streptococcus pseudopneumoniae			
<400> 192			
Ser Asn Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val			

1	5	10	15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met			
	20	25	30
Thr Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile			
	35	40	45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu			
	50	55	60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Gly Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser			
	85	90	95
Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg			
	100	105	110
Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Val Glu Glu Lys Glu Tyr			
	115	120	125
His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp			
	130	135	140
Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Val Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ala Phe Asp Ile			
	165	170	175
Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr			
	180	185	190
Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val			
	195	200	205
Glu Thr Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg			
	210	215	220
Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu			
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe			
	245	250	255

Asp Leu Gly Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270

Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp
 275 280 285

Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300

Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320

Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Thr Thr Leu Lys
 325 330 335

Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350

Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365

Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380

Gly Thr Asp Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415

Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430

Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460

Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500	505	510	
Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys			
515	520	525	
Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln			
530	535	540	
Lys Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr			
545	550	555	560
Glu Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Thr Val Asp Gly Tyr Asp Gly			
565	570	575	
Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr			
580	585	590	
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp			
595	600	605	
Ser Lys Asn Glu Ala Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile			
610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser			
625	630	635	640
Leu Phe Asp Lys Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr			
645	650	655	
Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Cys Asp Lys			
660	665	670	
Gln Thr Gly Asn Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Glu Ile			
675	680	685	
Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys			
690	695	700	
Lys Ile Ile Gln Lys Ser Gln Val Val Gly Glu Thr Asp Asp Val Lys			
705	710	715	720
Gln Val Val Arg Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile			
725	730	735	
Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Asp His			
740	745	750	

Ala Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

755 760 765

Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp

770 775 780

Ser Leu Lys Ile Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Asn Pro Thr Asp

785 790 795 800

Asn Asn Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn

805 810 815

Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser

820 825 830

Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp

835 840 845

Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys

850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe

865 870 875 880

Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn

885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Glu Arg Asp Gly Leu Asn Glu Leu Asp

900 905 910

Lys Val Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925

Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Lys Glu Val Thr

930 935 940

Glu Lys Asp Lys Lys Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960

Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Arg Leu Tyr Lys Val Arg

965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val

980 985 990

Val Ala Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe

995	1000	1005
Val Tyr Gly Asp Tyr Gln Lys	Asn Asp Leu Ser Lys	Asp Pro Lys
1010	1015	1020
Asp Ile Glu Lys Ala Thr Glu	Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Leu
1025	1030	1035
Leu Asn Phe Phe Lys Glu Glu	Val His Tyr Ala Asp	Gly Thr Ile
1040	1045	1050
Val Lys Arg Glu Asn Ile Glu	Tyr Ser Lys Asp Thr	Gly Glu Ile
1055	1060	1065
Ala Trp Asn Lys Glu Lys Asp	Phe Ala Thr Ile Lys	Lys Val Leu
1070	1075	1080
Ser Tyr Pro Gln Val Asn Ile	Val Lys Lys Thr Glu	Glu Gln Thr
1085	1090	1095
Gly Gly Leu Phe Asp Asn Asn	Ile Val Ser Lys Glu	Lys Val Val
1100	1105	1110
Asp Ala Ser Lys Leu Ile Pro	Ile Lys Ser Gly Leu	Ser Pro Glu
1115	1120	1125
Lys Tyr Gly Gly Tyr Ala Arg	Pro Thr Ile Ala Tyr	Ser Val Leu
1130	1135	1140
Val Ile Ala Asp Ile Glu Lys	Gly Lys Thr Lys Lys	Leu Lys Arg
1145	1150	1155
Ile Lys Glu Met Val Gly Ile	Thr Ile Gln Asp Lys	Lys Lys Phe
1160	1165	1170
Glu Ala Asn Pro Ile Ala Tyr	Leu Glu Glu Cys Gly	Tyr Lys Asn
1175	1180	1185
Ile Asn Pro Asn Leu Ile Ile	Lys Leu Pro Lys Tyr	Ser Leu Phe
1190	1195	1200
Glu Phe Asn Gly Gly Gln Arg	Arg Leu Leu Ala Ser	Ser Ile Glu
1205	1210	1215
Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu	Ile Leu Pro Tyr His	Phe Thr Ala
1220	1225	1230

Leu Leu Tyr His Ala Gln Arg Ile Asn Lys Phe Ser Glu Pro Ile
 1235 1240 1245
 His Lys Gln Tyr Val Glu Ala His Gln Asn Glu Phe Lys Glu Leu
 1250 1255 1260
 Leu Thr Ile Ile Ile Ser Leu Ser Lys Lys Tyr Ile Gln Lys Pro
 1265 1270 1275

Asn Val Glu Ser Leu Leu His Gln Ala Phe Glu Gln Ala Asp Asn
 1280 1285 1290
 Asp Ile Tyr Gln Leu Ser Glu Ser Phe Ile Ser Leu Leu Lys Leu
 1295 1300 1305
 Thr Ser Phe Gly Ala Pro Gly Ala Phe Lys Phe Leu Gly Ala Glu
 1310 1315 1320
 Ile Ser Gln Ser Ser Val Arg Tyr Lys Pro Asn Ser Gln Phe Leu
 1325 1330 1335

Asp Thr Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
 1340 1345 1350
 Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360

<210> 193

<211> 1360

<212> PRT

<213> Streptococcus pseudoporcinus

<400> 193

Tyr Ser Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp
 1 5 10 15
 Ala Val Ile Asn Glu Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met Thr Val
 20 25 30

Phe Gly Asn Thr Asp Arg Lys Thr Ile Lys Lys Asn Leu Leu Gly Thr
 35 40 45

Val Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Gln Ala Arg Arg Leu Lys Arg
 50 55 60

Thr Asn Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Tyr Arg Leu Cys Gln Leu

Arg Tyr Glu Glu His Gln Glu Asp Leu Ala Leu Leu Lys Lys Leu Val
 325 330 335
 Lys Glu Gln Met Pro Glu Lys Tyr Trp Glu Ile Phe Ser Asn Ala Lys
 340 345 350

 Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Val Ser Gln Glu Asp
 355 360 365
 Phe Tyr Arg Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Ser Arg Leu Lys Gly Gly Asp
 370 375 380
 Glu Phe Leu Ala Lys Ile Asp Arg Asp Asp Phe Leu Arg Lys Gln Arg
 385 390 395 400
 Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Lys Glu Leu
 405 410 415

 His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Lys Tyr Tyr Pro Phe Leu Ala Glu
 420 425 430
 Gln Lys Glu Lys Ile Glu Gln Leu Leu Cys Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr
 435 440 445
 Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gly Asn Ser Ser Phe Ala Trp Leu Lys
 450 455 460
 Arg Arg Ser Asp Glu Pro Ile Thr Pro Trp Asn Phe Lys Asp Val Val
 465 470 475 480

 Asp Glu Glu Ala Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu Gly Met Thr Asn Tyr
 485 490 495
 Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Pro Leu
 500 505 510
 Tyr Glu Met Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Ile
 515 520 525
 Ala Glu Asn Met Thr Lys Pro Leu Tyr Leu Ser Ala Glu Gln Lys Glu
 530 535 540

 Ala Ile Ile Asp His Leu Phe Lys Gln Thr Arg Lys Val Thr Val Lys
 545 550 555 560
 Asp Leu Lys Glu Lys Tyr Phe Ser Gln Ile Glu Gly Leu Glu Asn Val

565 570 575
 Asp Val Thr Gly Val Glu Gly Ala Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr
 580 585 590
 Asn Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Ala Phe Leu Asp Asp Glu
 595 600 605

 Ala Asn Ala Glu Ile Leu Glu Glu Ile Val Leu Ile Leu Thr Leu Phe
 610 615 620
 Gln Asp Glu Lys Leu Ile Glu Lys Arg Leu Ala Lys Tyr Ala Asn Leu
 625 630 635 640
 Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Arg Lys Arg His Tyr Arg Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Arg Gln Leu Ile Asp Gly Met Lys Asp Lys Ala
 660 665 670

 Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Asp Phe Ala Asn Arg
 675 680 685
 Asn Phe Ile Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp Phe Glu Lys Leu
 690 695 700
 Ile Asp Asp Ala Gln Lys Lys Ala Ile Lys Arg Glu Ser Leu Thr Glu
 705 710 715 720
 Ala Val Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735

 Gln Ser Leu Lys Val Val Asp Glu Ile Val Lys Val Met Gly His Asn
 740 745 750
 Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ser Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
 755 760 765
 Gln Gly Leu Lys Asn Ala Arg Gln Arg Leu Lys Lys Ile Lys Glu Val
 770 775 780
 His Lys Lys Thr Gly Ser Arg Ile Leu Glu Asp Asn Ser Glu Arg Ile
 785 790 795 800

 Thr Asn Leu Thr Leu Gln Asp Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Leu Leu Gln
 805 810 815

Asp Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp Ile Asn Asn Leu
 820 825 830
 Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp
 835 840 845
 Asn Ser Ile Asp Asn Leu Val Leu Thr Thr Gln Lys Ala Asn Arg Gly
 850 855 860

 Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Arg Asp Met Lys Asp
 865 870 875 880
 Arg Val Trp Arg Arg Gln Leu Ala Asn Gly Ala Ile Ser Arg Gln Lys
 885 890 895
 Phe Asp His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ala Asp Ser Asp
 900 905 910
 Lys Ala Arg Phe Leu Arg Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 915 920 925

 Lys His Val Ala Gln Leu Leu Asp Ser Arg Phe Asn Ser Lys Ser Asn
 930 935 940
 Gln Asn Lys Lys Leu Ala Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Lys Ile Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Leu Tyr Lys Leu Arg
 965 970 975
 Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990

 Val Gly Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ala Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Lys His Phe Asp Leu Ser Asp Pro Ser Leu
 1010 1015 1020
 Gly Lys Ala Thr Ala Lys Val Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn
 1025 1030 1035
 Phe Phe Lys Glu Glu Leu Ser Leu Ala Asp Gly Thr Leu Met Lys
 1040 1045 1050

 Arg Pro Val Ile Glu Thr Asn Thr Glu Thr Gly Glu Val Val Trp

1055	1060	1065
Asp Lys Val Lys Asp Phe Lys Thr Ile Arg Lys Val Leu Ser Tyr		
1070	1075	1080
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Ser Gly Ala		
1085	1090	1095
Phe Ser Lys Glu Ser Val Leu Ser Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu		
1100	1105	1110
Ile Glu Arg Lys Lys Gly Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe		
1115	1120	1125
Asp Ser Pro Asn Thr Ala Tyr Ser Ile Phe Val Val Ala Lys Val		
1130	1135	1140
Ala Lys Arg Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Ile Val		
1145	1150	1155
Gly Ile Thr Ile Met Glu Gln Ala Glu Tyr Glu Lys Asp Asn Ile		
1160	1165	1170
Ala Phe Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Glu Lys Leu		
1175	1180	1185
Leu Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly		
1190	1195	1200
Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Glu Phe Gln Lys Gly Asn Glu Leu		
1205	1210	1215
Ala Leu Ser Gly Lys Tyr Met Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser Arg		
1220	1225	1230
Tyr Asp Lys Leu Ser Ser Lys Ile Glu Ser Glu Gln Gln Lys Lys		
1235	1240	1245
Leu Phe Val Glu Gln His Leu His Tyr Phe Asp Glu Ile Leu Asp		
1250	1255	1260
Ile Val Val Lys His Ala Thr Cys Tyr Ile Lys Ala Glu Asn Asn		
1265	1270	1275
Leu Lys Lys Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Lys Lys Glu Ala Tyr Ser		
1280	1285	1290

Ile Asn Glu Gln Ala Leu Asn Met Leu Asn Leu Phe Ile Phe Thr
1295 1300 1305
Ser Leu Gly Ala Pro Ser Thr Phe Val Phe Phe Asp Glu Thr Ile
1310 1315 1320
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Ser Ser Asp Val Leu Asn Gly Ile
1325 1330 1335
Leu Ile Gln Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
1340 1345 1350

Leu Ser Arg Phe Gly Gly Asp
1355 1360

<210> 194

<211> 1316

<212> PRT

<213> Streptococcus pseudoporcinus

<400> 194

Met Leu Gly Thr Val Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Gln Ala Arg
1 5 10 15
Arg Leu Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Tyr Arg
20 25 30
Leu Cys Gln Leu Gln Asn Ile Phe Ala Thr Glu Met Val Lys Val Asp
35 40 45

Asp Thr Phe Phe Gln Arg Leu Ser Glu Ser Phe Phe Tyr Tyr Gln Asp
50 55 60
Lys Ala Phe Asp Lys His Pro Ile Phe Gly Asn Ser Lys Glu Glu Arg
65 70 75 80
Ala Tyr His Lys Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Asp Leu
85 90 95
Ala Asp Arg Asp Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu
100 105 110

Ser His Ile Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu
115 120 125
Asn Ser Glu Asn Thr Asp Val Gln Lys Leu Phe Ile Ala Leu Val Thr

130	135	140	
Val Tyr Asn Leu Leu Phe Glu Glu Glu Ile Ala Gly Glu Thr Cys Asp			
145	150	155	160
Ala Lys Ala Leu Leu Thr Ala Lys Thr Ser Lys Ser Lys Arg Leu Glu			
	165	170	175
Ser Leu Ile Ser Glu Phe Pro Gly Gln Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly			
	180	185	190
Asn Leu Leu Ala Leu Ala Leu Gly Leu Arg Pro Asn Phe Lys Ser Asn			
	195	200	205
Phe Gly Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Ile Thr Lys Asp Thr Tyr			
	210	215	220
Glu Glu Glu Leu Asp Asn Leu Leu Ala Glu Ile Gly Asp His Tyr Ala			
225	230	235	240
Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser			
	245	250	255
Asp Ile Leu Thr Leu Ser Asp Glu Asn Thr Arg Ala Pro Leu Ser Ala			
	260	265	270
Ser Met Ile Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Glu Asp Leu Ala Leu Leu			
	275	280	285
Lys Lys Leu Val Lys Glu Gln Met Pro Glu Lys Tyr Trp Glu Ile Phe			
	290	295	300
Ser Asn Ala Lys Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Val			
305	310	315	320
Ser Gln Glu Asp Phe Tyr Arg Tyr Ile Lys Pro Ile Leu Ser Arg Leu			
	325	330	335
Lys Gly Gly Asp Glu Phe Leu Ala Lys Ile Asp Arg Asp Asp Phe Leu			
	340	345	350
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His			
	355	360	365
Leu Lys Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Lys Tyr Tyr Pro			
	370	375	380

Phe Leu Ala Glu Gln Lys Glu Lys Ile Glu Gln Leu Leu Cys Phe Arg
 385 390 395 400
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gly Asn Ser Ser Phe
 405 410 415
 Ala Trp Leu Lys Arg Arg Ser Asp Glu Pro Ile Thr Pro Trp Asn Phe
 420 425 430

 Lys Asp Val Val Asp Glu Glu Ala Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu Gly
 435 440 445
 Met Thr Asn Tyr Asp Thr Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys
 450 455 460
 His Ser Pro Leu Tyr Glu Met Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
 465 470 475 480
 Val Lys Tyr Ile Ala Glu Asn Met Thr Lys Pro Leu Tyr Leu Ser Ala
 485 490 495

 Glu Gln Lys Glu Ala Ile Ile Asp His Leu Phe Lys Gln Thr Arg Lys
 500 505 510
 Val Thr Val Lys Asp Leu Lys Glu Lys Tyr Phe Ser Gln Ile Glu Gly
 515 520 525
 Leu Glu Asn Val Asp Val Thr Gly Val Glu Gly Ala Phe Asn Ala Ser
 530 535 540
 Leu Gly Thr Tyr Asn Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Ala Phe
 545 550 555 560

 Leu Asp Asp Glu Ala Asn Ala Glu Ile Leu Glu Glu Ile Val Leu Ile
 565 570 575
 Leu Thr Leu Phe Gln Asp Glu Lys Leu Ile Glu Lys Arg Leu Ala Lys
 580 585 590
 Tyr Ala Asn Leu Phe Glu Lys Ser Val Leu Lys Lys Leu Arg Lys Arg
 595 600 605
 His Tyr Arg Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Gln Leu Ile Asp Gly Met
 610 615 620

 Lys Asp Lys Ala Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Asp

625 630 635 640
 Phe Ala Asn Arg Asn Phe Ile Gln Leu Ile Asn Asp Ser Ser Leu Asp
 645 650 655
 Phe Glu Lys Leu Ile Asp Asp Ala Gln Lys Lys Ala Ile Lys Arg Glu
 660 665 670
 Ser Leu Thr Glu Ala Val Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 675 680 685

 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Val Val Asp Glu Ile Val Lys Val
 690 695 700
 Met Gly His Asn Pro Asp Asn Ile Val Ile Glu Met Ser Arg Glu Asn
 705 710 715 720
 Gln Thr Thr Ala Gln Gly Leu Lys Asn Ala Arg Gln Arg Leu Lys Lys
 725 730 735
 Ile Lys Glu Val His Lys Lys Thr Gly Ser Arg Ile Leu Glu Asp Asn
 740 745 750

 Ser Glu Arg Ile Thr Asn Leu Thr Leu Gln Asp Asn Arg Leu Tyr Leu
 755 760 765
 Tyr Leu Leu Gln Asp Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp
 770 775 780
 Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser
 785 790 795 800
 Phe Ile Lys Asp Asn Ser Ile Asp Asn Leu Val Leu Thr Thr Gln Lys
 805 810 815

 Ala Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Arg
 820 825 830
 Asp Met Lys Asp Arg Val Trp Arg Arg Gln Leu Ala Asn Gly Ala Ile
 835 840 845
 Ser Arg Gln Lys Phe Asp His Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu
 850 855 860
 Ala Asp Ser Asp Lys Ala Arg Phe Leu Arg Arg Gln Leu Val Glu Thr
 865 870 875 880

Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Leu Leu Asp Ser Arg Phe Asn
 885 890 895
 Ser Lys Ser Asn Gln Asn Lys Lys Leu Ala Arg Asn Val Lys Ile Ile
 900 905 910
 Thr Leu Lys Ser Lys Ile Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gly Leu
 915 920 925
 Tyr Lys Leu Arg Glu Val Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr
 930 935 940

 Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu
 945 950 955 960
 Glu Ala Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys His Phe Asp Leu Ser Asp
 965 970 975
 Pro Ser Leu Gly Lys Ala Thr Ala Lys Val Phe Phe Tyr Ser Asn Ile
 980 985 990
 Met Asn Phe Phe Lys Glu Glu Leu Ser Leu Ala Asp Gly Thr Leu Met
 995 1000 1005

 Lys Arg Pro Val Ile Glu Thr Asn Thr Glu Thr Gly Glu Val Val
 1010 1015 1020
 Trp Asp Lys Val Lys Asp Phe Lys Thr Ile Arg Lys Val Leu Ser
 1025 1030 1035
 Tyr Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Ser Gly
 1040 1045 1050
 Ala Phe Ser Lys Glu Ser Val Leu Ser Lys Gly Asn Ser Asp Lys
 1055 1060 1065

 Leu Ile Glu Arg Lys Lys Gly Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly
 1070 1075 1080
 Phe Asp Ser Pro Asn Thr Ala Tyr Ser Ile Phe Val Val Ala Lys
 1085 1090 1095
 Val Ala Lys Arg Lys Ala Gln Lys Leu Lys Thr Val Lys Glu Ile
 1100 1105 1110
 Val Gly Ile Thr Ile Met Glu Gln Ala Glu Tyr Glu Lys Asp Asn

1115	1120	1125
Ile Ala Phe Leu Glu Lys Lys Gly Tyr Gln Asp Ile Gln Glu Lys		
1130	1135	1140
Leu Leu Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn		
1145	1150	1155
Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Glu Phe Gln Lys Gly Asn Glu		
1160	1165	1170
Leu Ala Leu Ser Gly Lys Tyr Met Lys Phe Leu Tyr Leu Ala Ser		
1175	1180	1185
Arg Tyr Asp Lys Leu Ser Ser Lys Ile Glu Ser Glu Gln Gln Lys		
1190	1195	1200
Lys Leu Phe Val Glu Gln His Leu His Tyr Phe Asp Glu Ile Leu		
1205	1210	1215
Asp Ile Val Val Lys His Ala Thr Cys Tyr Ile Lys Ala Glu Asn		
1220	1225	1230
Asn Leu Lys Lys Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Lys Lys Glu Ala Tyr		
1235	1240	1245
Ser Ile Asn Glu Gln Ala Leu Asn Met Leu Asn Leu Phe Ile Phe		
1250	1255	1260
Thr Ser Leu Gly Ala Pro Ser Thr Phe Val Phe Phe Asp Glu Thr		
1265	1270	1275
Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Ser Ser Asp Val Leu Asn Gly		
1280	1285	1290
Ile Leu Ile Gln Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile		
1295	1300	1305
Asp Leu Ser Arg Phe Gly Gly Asp		
1310	1315	
<210> 195		
<211> 1359		
<212> PRT		
<213> Streptococcus sanguinis		

<400> 195

Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly
1 5 10 15

Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met Arg
20 25 30

Val Phe Gly Asp Thr Asp Arg Ser His Ile Lys Lys Asn Leu Leu Gly
35 40 45

Thr Leu Leu Phe Asp Asp Gly Asn Thr Ala Glu Ser Arg Arg Leu Lys
50 55 60

Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Glu Ile Phe Thr Glu Ser Met Asn Glu Ile Asp Glu Ser Phe
85 90 95

Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg Gly
100 105 110

Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Gln Glu Glu Lys Glu Tyr His
115 120 125

Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp Ser
130 135 140

Lys Glu Lys Ser Asp Val Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met
145 150 155 160

Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Thr Phe Asp Ile Lys
165 170 175

Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Asn Ile Tyr Asp
180 185 190

Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val Glu
195 200 205

Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Ala Lys Arg Glu Arg Val
210 215 220

Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu Phe
225 230 235 240

Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe Asp
 245 250 255
 Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Glu
 260 265 270
 Glu Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ile Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly Ile
 290 295 300

 Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Ala Leu Lys Gln
 325 330 335
 Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Val Glu Val Phe Ser Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln
 355 360 365

 Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu Gly
 370 375 380
 Ala Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gln
 405 410 415
 Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430

 Lys Glu Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Asp Asn Arg Asp Phe Ser Trp Leu
 450 455 460
 Thr Arg Asn Ser Asp Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Ala Arg Ser Ala Glu Asp Phe Ile His Arg Met Thr Asn

485

490

495

Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu

500

505

510

Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Phe

515

520

525

Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln Lys

530

535

540

Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr Glu

545

550

555

560

Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly Ile

565

570

575

Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Asn Leu Ser Thr Tyr

580

585

590

His Asp Leu Leu Lys Ile Thr Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asp Pro

595

600

605

Lys Asn Glu Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile Phe

610

615

620

Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Thr Leu

625

630

635

640

Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr Gly

645

650

655

Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln

660

665

670

Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Lys Ile Asn

675

680

685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys Glu

690

695

700

Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asp Asp Val Lys Gln

705

710

715

720

Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu

725

730

735

Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Tyr Ala
740 745 750

Leu Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
755 760 765

Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp Ala
770 775 780

Leu Lys Asn Leu Ala Pro Asn Ile Leu Lys Glu Asn Pro Thr Asp Asn
785 790 795 800

Ile Gln Leu Lys Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815

Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Pro Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser Ser
820 825 830

Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser
835 840 845

Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys Ser
850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe Trp
865 870 875 880

Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn Asn
885 890 895

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val Gly
900 905 910

Phe Ile Arg Arg Gln Leu Val Glu Thr Gln Gln Ile Thr Lys Asn Val
915 920 925

Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu Val Lys Glu Lys Asn
930 935 940

Gln Lys Ile Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val
945 950 955 960

Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
965 970 975

Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys

980	985	990
Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Pro Glu Phe	Val Tyr Gly
995	1000	1005
Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu	Phe Lys Pro Ser Lys	Glu Ile Glu
1010	1015	1020
Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser Asn Leu	Leu Asn Phe
1025	1030	1035
Phe Lys Glu Glu Val Leu Tyr	Ala Asp Gly Thr Ile	Arg Lys Arg
1040	1045	1050
Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys	Asp Thr Gly Glu Ile	Ala Trp Asp
1055	1060	1065
Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr	Ile Lys Lys Val Leu	Ser Tyr Pro
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys	Arg Glu Val Gln Thr	Gly Gly Phe
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro	Lys Gly Asn Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Lys Asp Ile	Leu Trp Asp Thr Thr	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Val Ile	Ala Tyr Ser Ile Leu	Leu Ile Ala
1130	1135	1140
Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala	Lys Lys Leu Lys Thr	Val Lys Thr
1145	1150	1155
Leu Val Gly Ile Thr Ile Met	Glu Lys Ala Ala Phe	Glu Glu Asn
1160	1165	1170
Pro Ile Thr Phe Leu Glu Asn	Lys Gly Tyr His Asn	Val Arg Lys
1175	1180	1185
Glu Asn Ile Leu Cys Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Lys Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215

Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Val Cys Leu Thr Thr Leu Leu Tyr

1220 1225 1230

His Ser Lys Asn Leu His Lys Leu Asp Glu Pro Glu His Leu Glu

1235 1240 1245

Tyr Ile Gln Lys His Arg Asn Glu Phe Lys Asp Leu Leu Asn Leu

1250 1255 1260

Val Ser Glu Phe Ser Gln Lys Tyr Ile Leu Ala Glu Ala Asn Leu

1265 1270 1275

Glu Lys Ile Lys Asp Leu Tyr Ala Asp Asn Glu Gln Ala Asp Ile

1280 1285 1290

Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala

1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Val Asp

1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn Ala Thr Leu

1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1340 1345 1350

Ser Lys Leu Gly Glu Glu

1355

<210> 196

<211> 1362

<212> PRT

<213> Streptococcus sanguinis

<400> 196

Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly

1 5 10 15

Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met Lys

20 25 30

Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly

35 40 45

Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu Lys

50	55	60	
Arg Thr Ser Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg Tyr			
65	70	75	80
Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Ile Ser Lys Leu Asp Ser Ser Phe			
	85	90	95
Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg Gly			
	100	105	110
Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr His			
	115	120	125
Lys Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp Ser			
	130	135	140
Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met			
145	150	155	160
Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ser Phe Asp Ile Lys			
	165	170	175
Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Ser Ile Tyr Asp			
	180	185	190
Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val Glu			
	195	200	205
Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Thr Lys Arg Glu Arg Val			
	210	215	220
Leu Lys Leu Phe Ser Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu Phe			
225	230	235	240
Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe Asp			
	245	250	255
Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Glu			
	260	265	270
Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Gly Phe Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly Ile			
	290	295	300

Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
305 310 315 320

Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Glu Asp Leu Ala Ala Leu Lys Gln
325 330 335

Phe Ile Lys Asn Asn Leu Ser Glu Lys Tyr Ala Glu Val Phe Ser Asp
340 345 350

Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Phe Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln
355 360 365

Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Leu Glu Gly
370 375 380

Ala Asp Tyr Phe Leu Asn Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gln
405 410 415

Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Leu Phe Leu
420 425 430

Lys Glu Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Ala Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp Leu
450 455 460

Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr Asn
485 490 495

Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Phe
515 520 525

Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln Lys
530 535 540

Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Asp Lys Arg Lys Val Thr Glu

545 550 555 560
 Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly Ile
 565 570 575

 Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asn Pro
 595 600 605
 Lys Asn Gly Glu Ile Leu Glu Asn Ile Ile His Thr Leu Thr Ile Phe
 610 615 620
 Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Thr Leu
 625 630 635 640

 Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Thr Gly Lys Thr Ile Leu Glu Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Asp Cys Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys Glu
 690 695 700

 Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asp Asp Val Lys Gln
 705 710 715 720
 Val Val Gln Glu Ile Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly His Asn
 740 745 750
 Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ala
 755 760 765

 Lys Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp Ala
 770 775 780
 Leu Lys Asn Leu Ala Pro Asn Ile Leu Lys Glu Asn Pro Thr Asp Asn
 785 790 795 800

Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly

805 810 815

Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Ala Ile Asp Ile Asn Gln Leu Ser Asn

820 825 830

Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser

835 840 845

Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys Ser

850 855 860

Asp Asn Val Pro Ser Ile Glu Val Val Gln Lys Arg Lys Ala Phe Trp

865 870 875 880

Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn Asn

885 890 895

Leu Thr Lys Ala Lys Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val Gly

900 905 910

Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

915 920 925

Ala Gln Leu Leu Asp Thr Arg Phe Asn Thr Glu Val Asn Glu Glu Asn

930 935 940

Gln Lys Ile Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val

945 950 955 960

Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn

965 970 975

Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Lys

980 985 990

Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly

995 1000 1005

Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Ala Ser Asn Thr Ile Asp

1010 1015 1020

Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn Phe

1025 1030 1035

Phe Lys Glu Lys Val Arg Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Lys Lys Arg

1040	1045	1050
Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Asn Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp Asn		
1055	1060	1065
Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Leu Pro		
1070	1075	1080
Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Glu Gln Thr Gly Gly Leu		
1085	1090	1095
Phe Asp Asn Asn Ile Val Ser Lys Lys Lys Val Val Asp Ala Ser		
1100	1105	1110
Lys Leu Ile Pro Ile Lys Ser Ser Leu Ser Pro Glu Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Tyr Ala Arg Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Val Ile Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Glu Lys Gly Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Arg Ile		
1145	1150	1155
Lys Glu Ile Val Gly Ile Thr Ile Gln Asp Lys Lys Lys Phe Glu		
1160	1165	1170
Ser Asn Pro Val Thr Tyr Leu Glu Glu Cys Gly Tyr Lys Asn Ile		
1175	1180	1185
Asn Ser Asn Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu		
1190	1195	1200
Phe Asn Asp Gly Gln Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ser Ile Glu Leu		
1205	1210	1215
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ile Leu Pro Tyr His Leu Thr Ala Leu		
1220	1225	1230
Leu Tyr His Ala Gln Arg Ile Asn Lys Ile Ser Glu Pro Ile His		
1235	1240	1245
Lys Gln Tyr Val Glu Ala His Gln Asn Glu Phe Lys Glu Leu Leu		
1250	1255	1260
Thr Thr Ile Ile Ser Leu Ser Lys Lys Tyr Ile Gln Lys Pro Asn		
1265	1270	1275

Val Glu Leu Leu Leu Gln Gln Ala Phe Asp Gln Ala Asp Lys Asp
 1280 1285 1290
 Ile Tyr Gln Leu Ser Glu Ser Phe Ile Ser Leu Leu Lys Leu Thr
 1295 1300 1305
 Ser Phe Gly Ala Pro Gly Ala Phe Lys Phe Leu Gly Val Glu Ile
 1310 1315 1320

Ser Gln Ser Ser Val Arg Tyr Lys Pro Asn Ser Gln Phe Leu Asp
 1325 1330 1335
 Thr Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg
 1340 1345 1350
 Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360

<210> 197

<211> 1360

<212> PRT

<213> Streptococcus sp. F0441

<400> 197

Glu Asn Lys Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Ala Arg Arg Leu
 50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Glu Glu Ile Gly Lys Val Asp Ser Ser
 85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Ala Glu Glu Lys Lys Tyr

115	120	125	
His Lys Gln Phe Pro Thr	Ile Tyr His Leu Arg Lys	Gln Leu Ala Asp	
130	135	140	
Ser Lys Glu Lys Thr Asp	Leu Arg Leu Ile Tyr	Leu Ala Leu Ala His	
145	150	155	160
Met Ile Lys Tyr Arg Gly	His Phe Leu Tyr Glu	Glu Ala Phe Asp Ile	
165	170	175	
Lys Asn Asn Asp Ile Gln	Lys Ile Phe Asn Glu	Phe Ile Ser Ile Tyr	
180	185	190	
Asn Asn Thr Phe Glu Gly	Asn Ser Leu Ser Gly	Gln Asn Val Gln Val	
195	200	205	
Glu Ala Ile Phe Thr Asp	Lys Ile Ser Lys Ser	Ala Lys Arg Glu Arg	
210	215	220	
Val Leu Lys Leu Phe Pro	Asp Glu Lys Ser Thr	Gly Leu Phe Ser Glu	
225	230	235	240
Phe Leu Lys Leu Ile Val	Gly Asn Gln Ala Asp	Phe Lys Lys His Phe	
245	250	255	
Asp Leu Glu Glu Lys Ala	Pro Leu Gln Phe Ser	Arg Asp Thr Tyr Asp	
260	265	270	
Glu Asp Leu Glu Asn Leu	Leu Gly Gln Ile Gly	Asp Asp Phe Ala Asp	
275	280	285	
Leu Phe Leu Val Ala Lys	Lys Leu Tyr Asp Ala	Ile Leu Leu Ser Gly	
290	295	300	
Ile Leu Thr Val Thr Asn	Pro Ser Thr Lys Ala	Pro Leu Ser Ala Ser	
305	310	315	320
Met Ile Glu Arg Tyr Glu	Asn His Gln Lys Asp	Leu Ala Ser Leu Lys	
325	330	335	
Gln Phe Ile Lys Asn Asn	Leu Pro Glu Lys Tyr	Asp Glu Val Phe Ser	
340	345	350	
Asp Gln Ser Glu Asp Gly	Tyr Ala Gly Tyr Ile	Asp Gly Lys Thr Thr	
355	360	365	

Gln Glu Thr Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
370 375 380

Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
405 410 415

Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
450 455 460

Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
465 470 475 480

Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr
485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
515 520 525

Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
530 535 540

Lys Lys Gln Ile Val Thr Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
545 550 555 560

Glu Lys Asp Ile Ile Gln Phe Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly
565 570 575

Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Ala Phe Met Asp Asp
595 600 605

Ala Lys Asn Glu Ala Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile

610	615	620	
Phe Glu Asp Arg Glu Met	Ile Lys Gln Arg Leu	Ala Gln Tyr Asp Ser	
625	630	635	640
Leu Phe Asp Glu Lys Val	Ile Lys Ala Leu Thr Arg	Arg His Tyr Thr	
645	650	655	
Gly Trp Gly Lys Leu Ser	Ala Lys Leu Ile Asn Gly	Ile Ser Asp Lys	
660	665	670	
Gln Thr Gly Asn Thr Ile	Leu Asp Tyr Leu Ile Asp	Asp Gly Glu Ile	
675	680	685	
Asn Arg Asn Phe Met Gln	Leu Ile Asn Asp Asp Gly	Leu Ser Phe Lys	
690	695	700	
Glu Ile Ile Gln Lys Ala	Gln Val Val Gly Lys Thr	Asn Asp Val Lys	
705	710	715	720
Gln Val Val Gln Glu Leu	Pro Gly Ser Pro Ala Ile	Lys Lys Gly Ile	
725	730	735	
Leu Gln Ser Ile Lys Ile	Val Asp Glu Leu Val Lys	Val Met Gly His	
740	745	750	
Ala Pro Glu Ser Ile Val	Ile Glu Met Ala Arg Glu	Asn Gln Thr Thr	
755	760	765	
Ala Arg Gly Lys Lys Asn	Ser Gln Gln Arg Tyr Lys	Arg Ile Glu Asp	
770	775	780	
Ser Leu Lys Ile Leu Ala	Ser Lys Ile Leu Lys Glu	His Pro Thr Asp	
785	790	795	800
Asn Ile Gln Leu Gln Asn	Asp Arg Leu Phe Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn	
805	810	815	
Gly Lys Asp Met Tyr Thr	Gly Glu Ala Leu Asp Ile	Asn Gln Leu Ser	
820	825	830	
Ser Cys Asp Ile Asp His	Ile Ile Pro Gln Ala Phe	Ile Lys Asp Asp	
835	840	845	
Ser Leu Asp Asn Arg Val	Leu Thr Ser Ser Lys Asp	Asn Arg Gly Lys	
850	855	860	

Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Asp Lys Met Lys Val Phe
865 870 875 880
Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Tyr Arg Lys Phe Asn
885 890 895
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asn Glu Leu Asp Lys Val
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Lys Glu Val Thr Glu Lys
930 935 940
Asp Lys Lys Asn Arg Thr Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu
945 950 955 960
Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Glu Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975

Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala
980 985 990
Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005
Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Asp Pro Lys Glu Ile
1010 1015 1020
Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn
1025 1030 1035

Phe Phe Lys Glu Glu Val His Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Val Lys
1040 1045 1050
Arg Glu Asn Ile Glu Tyr Ser Lys Asp Thr Gly Glu Ile Ala Trp
1055 1060 1065
Asn Lys Glu Lys Asp Phe Ala Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Leu
1070 1075 1080
Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Arg Glu Val Gln Thr Gly Gly
1085 1090 1095

Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asn Ser Asp Lys Leu

1100	1105	1110
Ile Pro Arg Lys Thr Lys Asp	Ile Leu Trp Asp Thr	Thr Lys Tyr
1115	1120	1125
Gly Gly Phe Asp Ser Pro Val	Ile Ala Tyr Ser Ile	Leu Leu Ile
1130	1135	1140
Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys	Ala Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1145	1150	1155
Thr Leu Val Gly Ile Thr Ile	Met Glu Lys Asp Ala	Phe Glu Lys
1160	1165	1170
Asn Pro Ile Ala Phe Leu Glu	Asn Lys Gly Tyr His	Asn Val Cys
1175	1180	1185
Lys Glu Asn Ile Leu Cys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu
1190	1195	1200
Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Lys	Glu Leu Gln
1205	1210	1215
Lys Cys Asn Glu Ile Val Leu	Pro Val Tyr Leu Thr	Thr Leu Leu
1220	1225	1230
Tyr His Ser Lys Asn Val His	Lys Leu Asp Glu Pro	Gly His Leu
1235	1240	1245
Glu Tyr Ile Gln Lys His Arg	Asn Glu Phe Lys Asp	Leu Leu Asn
1250	1255	1260
Leu Val Ser Glu Phe Ser Gln	Lys Tyr Val Leu Ala	Asp Ala Asn
1265	1270	1275
Leu Glu Lys Ile Lys Asn Leu	Tyr Ala Asp Asn Glu	Gln Ala Asp
1280	1285	1290
Ile Glu Ile Leu Ala Asn Ser	Phe Ile Asn Leu Leu	Thr Phe Thr
1295	1300	1305
Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Phe Phe Gly	Lys Asp Val
1310	1315	1320
Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr	Val Ser Glu Ile Leu	Asn Ala Thr
1325	1330	1335

Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp

1340 1345 1350

Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp

1355 1360

<210> 198

<211> 1360

<212> PRT

<213> Streptococcus sp. FF10

<400> 198

Met Lys Lys Pro Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Glu Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Met

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Asp Ile Phe Ser Pro Glu Leu Asn Gln Val Asp Glu Ser

85 90 95

Phe Leu His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Ala Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Glu Arg His Val Ile Phe Gly Asn Ile Ala Asp Glu Val Lys Tyr

115 120 125

His Lys Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Asp Glu Pro Ile Asp Ile

165 170 175

Arg Asn Met Asn Ser Gln Asn Leu Phe Lys Glu Phe Leu Leu Ala Phe

180	185	190
Asp Gly Ile Gln Val Asp Cys Tyr Leu Ala Ser Lys His Thr Asp Ile		
195	200	205
Ser Gly Ile Ile Thr Ala Lys Ile Ser Lys Ser Arg Lys Val Glu Ala		
210	215	220
Val Leu Glu Gln Phe Pro Asp Gln Lys Lys Asn Ser Phe Phe Gly Asn		
225	230	235
Met Val Ser Leu Val Phe Gly Leu Met Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe		
245	250	255
Glu Leu Asp Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Arg Asp Ser Tyr Asp		
260	265	270
Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp		
275	280	285
Val Phe Val Ala Ala Lys Lys Val Tyr Asp Ser Ile Leu Leu Ser Gly		
290	295	300
Ile Leu Thr Thr Asn Asn His Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser		
305	310	315
Met Ile Asp Arg Tyr Asp Glu His Asn Ser Asp Lys Lys Leu Leu Arg		
325	330	335
Asp Phe Ile Arg Thr Asn Ile Gly Lys Glu Val Phe Lys Glu Val Phe		
340	345	350
Tyr Asp Thr Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr		
355	360	365
Asn Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Asn Leu Leu Gln Lys Val		
370	375	380
Asp Gly Gly Asp Tyr Phe Ile Glu Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu		
385	390	395
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Val His		
405	410	415
Leu Asp Glu Met Lys Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu Phe Tyr Pro		
420	425	430

Phe Leu Lys Glu Asn Ala Glu Lys Ile Gln Gln Ile Leu Thr Phe Lys
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala
 450 455 460
 Trp Ala Ser Tyr Asn Ser Asn Glu Lys Met Thr Pro Trp Asn Phe Asp
 465 470 475 480

 Asn Val Ile Asp Lys Thr Ser Ser Ala Gln Ala Phe Ile Glu Arg Met
 485 490 495
 Thr Asn Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Asp Gln Lys Val Leu Pro Lys His
 500 505 510
 Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile
 515 520 525
 Lys Tyr Val Thr Glu Thr Gly Glu Ala Arg Leu Phe Asp Val Phe Leu
 530 535 540

 Lys Lys Glu Ile Phe Asp Gly Leu Phe Lys Lys Glu Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Ile Leu Asn Phe Leu Asp Lys Asn Phe Asp Glu Phe Arg
 565 570 575
 Ile Thr Asp Ile Gln Gly Leu Asp Asn Glu Thr Gly Asn Phe Asn Ala
 580 585 590
 Ser Tyr Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Gly Asp Lys Glu
 595 600 605

 Phe Met Asp Ser Ser Asp Asn Val Asp Val Leu Glu Asp Ile Val Leu
 610 615 620
 Ser Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Leu
 625 630 635 640
 Lys Tyr Glu Asp Ile Phe Ser Lys Lys Val Ile Ala Asn Leu Thr Arg
 645 650 655
 Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly
 660 665 670

 Ile Lys Asp Lys His Ser Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp

675	680	685	
Asp Gly His Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Asn			
690	695	700	
Leu Ser Phe Lys Asp Glu Ile Ala Asn Ser Gln Val Ile Gly Asp Gly			
705	710	715	720
Asp Asp Leu His Gln Val Val Gln Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile			
725	730	735	
Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys			
740	745	750	
Val Met Gly Tyr Asn Pro Glu Gln Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu			
755	760	765	
Asn Gln Thr Thr Ala Arg Gly Arg Asn Asn Ser Gln Gln Arg Leu Gly			
770	775	780	
Ser Leu Thr Lys Ala Ile Gln Asp Phe Gly Ser Asp Ile Leu Lys Arg			
785	790	795	800
Tyr Pro Val Glu Asn Asn Gln Leu Gln Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Tyr			
805	810	815	
Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Thr Leu Asp Ile			
820	825	830	
His Asn Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe			
835	840	845	
Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Asn Ser Lys Ser			
850	855	860	
Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Asn Glu Val Val Lys Arg			
865	870	875	880
Met Lys Gly Phe Trp Leu Lys Gln Leu Asp Ala Lys Leu Ile Ser Gln			
885	890	895	
Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Ala			
900	905	910	
Glu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln			
915	920	925	

Ile Thr Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Glu Arg Phe Asn Arg Asp
 930 935 940
 Phe Asp Lys Asn Asp Lys Arg Ile Arg Asn Val Lys Ile Val Thr Leu
 945 950 955 960
 Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Phe Tyr Lys
 965 970 975
 Val Arg Glu Ile Asn Asn Phe His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn
 980 985 990

Ala Val Val Ala Lys Ala Leu Leu Ile Arg Tyr Pro Lys Leu Glu Pro
 995 1000 1005
 Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Arg Glu
 1010 1015 1020
 Arg Lys Ala Thr Glu Lys Met Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn
 1025 1030 1035
 Met Phe Lys Thr Thr Ile Lys Leu Ala Asp Gly Arg Val Val Glu
 1040 1045 1050

Lys Pro Val Ile Glu Ala Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Ala Trp
 1055 1060 1065
 Asp Lys Thr Lys His Phe Ala Asn Val Lys Lys Val Leu Ser Tyr
 1070 1075 1080
 Pro Gln Val Ser Ile Val Lys Lys Val Glu Glu Gln Thr Gly Gly
 1085 1090 1095
 Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Gly Ser Asp Lys Leu
 1100 1105 1110

Ile Ala Arg Lys Thr Lys Asn Asn Tyr Leu Ser Thr Gln Lys Tyr
 1115 1120 1125
 Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Ile Met Phe Val
 1130 1135 1140
 Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ser Lys Arg Leu Lys Thr Val Lys
 1145 1150 1155
 Glu Met Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Arg Phe Glu Ser

1160	1165	1170
Asn Ser Val Thr Phe Leu Glu	Glu Lys Gly Tyr Arg	Asn Ile Arg
1175	1180	1185
Glu Asn Thr Ile Ile Lys Phe	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu
1190	1195	1200
Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Ile	Glu Leu Gln
1205	1210	1215
Lys Gly Asn Glu Met Phe Leu	Pro Gln Gln Phe Val	Asn Leu Leu
1220	1225	1230
Tyr His Ala Gln His Ala Asn	Lys Glu Asp Ser Val	Ile Tyr Leu
1235	1240	1245
Glu Lys His Arg His Glu Leu	Ser Glu Leu Phe His	His Ile Ile
1250	1255	1260
Gly Val Ser Glu Lys Thr Ile	Leu Lys Pro Lys Val	Glu Met Thr
1265	1270	1275
Leu Asn Glu Ala Phe Glu Lys	His Phe Glu Phe Asp	Glu Val Ser
1280	1285	1290
Glu Leu Ala Gln Ser Phe Ile	Ser Leu Leu Lys Phe	Thr Ala Phe
1295	1300	1305
Gly Ala Pro Gly Gly Phe Lys	Phe Leu Asp Ala Asp	Ile Lys Gln
1310	1315	1320
Ser Asn Leu Arg Tyr Gln Thr	Val Thr Glu Val Leu	Ser Ser Thr
1325	1330	1335
Leu Ile His Gln Ser Val Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp
1340	1345	1350
Leu Ser Lys Leu Gly Gly Glu		
1355	1360	
<210>	199	
<211>	1364	
<212>	PRT	
<213>	Streptococcus sp. M334	

<400> 199

Ser Asn Lys Ser Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys His Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Gln Glu Ile Ser Lys Val Asp Ser Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Phe Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Arg

100 105 110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Val Glu Glu Lys Glu Tyr

115 120 125

His Lys Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Lys Glu Lys Thr Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ser Phe Asp Ile

165 170 175

Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Ser Glu Phe Ile Ser Ile Tyr

180 185 190

Asp Asn Thr Phe Glu Gly Lys Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val

195 200 205

Glu Ala Ile Phe Thr Asp Lys Ile Ser Lys Ser Thr Lys Arg Glu Arg

210 215 220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe
 245 250 255
 Asp Leu Glu Glu Lys Ala Pro Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
 290 295 300

 Ile Leu Thr Val Lys Asp Leu Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Lys Asp Leu Ala Ala Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Gln Asn Asn Leu Gln Glu Lys Tyr Asp Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365

 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Lys
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Ile Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430

 Leu Gln Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Gly Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Gln Ala Ser Ser Ala Glu Asp Phe Ile Asn Lys Met Thr

485 490 495

Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

515 520 525

Phe Ile Ala Glu Gly Leu Thr Arg Tyr Gln Phe Leu Asp Lys Lys Gln

530 535 540

Lys Lys Asp Ile Phe Asp Thr Phe Phe Lys Ala Glu Asn Lys Arg Lys

545 550 555 560

Val Thr Glu Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr

565 570 575

Asp Gly Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu

580 585 590

Ser Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Ala Phe Met

595 600 605

Asp Asp Ser Lys Asn Glu Glu Ile Leu Glu Asn Ile Ile His Thr Leu

610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr

625 630 635 640

Asp Ser Leu Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg

660 665 670

Asp Lys Lys Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Glu Ile Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Gly Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Glu Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Phe Gly Lys Thr Asn Asp

705 710 715 720

Val Lys Gln Val Val Gln Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
740 745 750

Gly His Ala Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
755 760 765

Thr Thr Ala Arg Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile
770 775 780

Glu Asp Ser Leu Lys Asn Leu Ala Ser Asn Ile Leu Lys Glu Asn Pro
785 790 795 800

Thr Asp Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
805 810 815

Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Lys Pro Leu Glu Ile Asn Gln
820 825 830

Leu Ser Asn Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
835 840 845

Asp Asp Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Glu Lys Met Lys
865 870 875 880

Ala Phe Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys
885 890 895

Phe Asn Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Glu Arg Gly Gly Leu Asn Glu
900 905 910

Leu Asp Lys Val Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln
915 920 925

Ile Thr Lys His Val Ala Gln Phe Leu Asp Ala Arg Phe Asn Lys Glu
930 935 940

Val Thr Glu Lys Asp Lys Lys Asn Arg Asn Val Lys Ile Ile Thr Leu
945 950 955 960

Lys Ser Asn Leu Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gly Leu Tyr Lys
965 970 975

Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn

980				985				990							
Ala	Val	Leu	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Lys	Lys	Tyr	Pro	Lys	Leu	Glu	Pro
995				1000				1005							
Glu	Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Gln	Lys	Tyr	Asp	Leu	Ser	Arg	Glu	
1010				1015				1020							
Pro	Lys	Glu	Val	Glu	Lys	Ala	Thr	Gln	Lys	Tyr	Phe	Phe	Tyr	Ser	
1025				1030				1035							
Asn	Leu	Leu	Asn	Phe	Phe	Lys	Glu	Glu	Val	His	Tyr	Ala	Asp	Gly	
1040				1045				1050							
Thr	Ile	Val	Lys	Arg	Glu	Asn	Ile	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asp	Thr	Gly	
1055				1060				1065							
Glu	Ile	Ala	Trp	Asn	Lys	Glu	Lys	Asp	Phe	Ala	Thr	Val	Lys	Lys	
1070				1075				1080							
Val	Leu	Ser	Leu	Pro	Gln	Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Val	
1085				1090				1095							
Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys	Gly	Asn	
1100				1105				1110							
Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Pro	Arg	Lys	Thr	Lys	Glu	Ile	Leu	Trp	Asp	
1115				1120				1125							
Thr	Thr	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	Val	Ile	Ala	Tyr	Ser	
1130				1135				1140							
Ile	Leu	Leu	Ile	Ala	Asp	Ile	Glu	Lys	Gly	Lys	Ala	Lys	Lys	Leu	
1145				1150				1155							
Lys	Thr	Val	Lys	Thr	Leu	Val	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Ala	
1160				1165				1170							
Thr	Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Ile	Thr	Phe	Leu	Glu	Asn	Lys	Gly	Tyr	
1175				1180				1185							
His	Asn	Val	Arg	Lys	Glu	Asn	Ile	Leu	Cys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	
1190				1195				1200							
Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Ser	Gly	Arg	Arg	Arg	Met	Leu	Ala	Ser	Ala	
1205				1210				1215							

Lys Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Ile Val Leu Pro Val Tyr Leu
 1220 1225 1230
 Thr Thr Leu Leu Tyr His Ser Lys Asn Val His Lys Leu Asp Glu
 1235 1240 1245

 Pro Glu His Leu Glu Tyr Ile Gln Lys His Arg Tyr Glu Phe Lys
 1250 1255 1260
 Asp Leu Leu Asn Leu Val Ser Glu Phe Ser Gln Lys Tyr Val Leu
 1265 1270 1275
 Ala Asp Ala Asn Leu Glu Lys Ile Lys Asn Leu Tyr Ala Asp Asn
 1280 1285 1290
 Glu Gln Ala Asp Ile Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu
 1295 1300 1305

 Leu Thr Phe Thr Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Leu
 1310 1315 1320
 Gly Lys Asp Val Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile
 1325 1330 1335
 Leu Asn Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu
 1340 1345 1350
 Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360
 <210> 200
 <211> 1360

 <212> PRT
 <213> Streptococcus sp. taxon 056
 <400> 200
 Asn Asn Asn Asn Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Arg Phe Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Glu Gly Thr Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Val Asp Ser Ser

85

90

95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Ser

100

105

110

Gly Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ala Thr Leu Ala Glu Glu Lys Glu Tyr

115

120

125

His Lys Lys Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130

135

140

Ser Lys Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145

150

155

160

Ile Thr Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Tyr Glu Glu Ala Phe Asp Ile

165

170

175

Lys Asn Asn Asp Ile Gln Lys Ile Phe Asn Glu Phe Ile Asn Ile Tyr

180

185

190

Asp Asn Thr Phe Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gly Gln Asn Ala Gln Val

195

200

205

Glu Ala Ile Phe Thr Gly Lys Ile Ser Lys Ser Val Lys Arg Glu His

210

215

220

Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Ser Thr Gly Leu Phe Ser Glu

225

230

235

240

Phe Leu Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asp Phe Lys Lys His Phe

245

250

255

Asp Leu Glu Glu Lys Ala Ser Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Asp

260

265

270

Glu Asp Leu Glu Asn Leu Leu Gly Gln Ile Gly Asp Asp Phe Ala Asp

275

280

285

Leu Phe Leu Val Ala Lys Lys Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly

290 295 300
 Ile Leu Thr Val Thr Asp Pro Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser

 305 310 315 320
 Met Ile Glu Arg Tyr Glu Asn His Gln Glu Asp Leu Ala Ala Leu Lys
 325 330 335
 Gln Phe Ile Lys Asn Asn Leu Pro Glu Lys Tyr Ala Glu Val Phe Ser
 340 345 350
 Asp Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Asn Leu Leu Ser Lys Phe Glu

 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Glu Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met Asn Ala Ile Leu Arg Arg Gln Gly Glu His Tyr Pro Leu
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Arg Asp Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Asn Ser Asp Gln Ala Ile Arg Pro Trp Asn Phe Glu Glu
 465 470 475 480
 Ile Val Asp Lys Ala Ser Ser Ala Glu Ser Phe Ile Asn Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gln Phe Phe Asp Ser Gly Gln
 530 535 540

Lys Lys Gln Ile Val Asn Gln Leu Phe Lys Glu Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Glu Lys Asp Ile Ile His Tyr Leu His Asn Val Asp Gly Tyr Asp Gly

 565 570 575
 Ile Glu Leu Lys Gly Ile Glu Lys Gln Phe Asn Ala Ser Leu Ser Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Glu Phe Met Asp Asn
 595 600 605
 His Lys Asn Gln Glu Ile Leu Glu Asn Ile Val His Thr Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Gln Arg Leu Ala Gln Tyr Asp Ser

 625 630 635 640
 Ile Phe Asp Glu Lys Val Ile Lys Ala Leu Thr Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Lys Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Cys Asp Lys
 660 665 670
 Lys Thr Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Tyr Asn
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Gly Leu Ser Phe Lys

 690 695 700
 Glu Ile Ile Gln Lys Ala Gln Val Val Gly Lys Thr Asp Asp Leu Thr
 705 710 715 720
 Gln Val Val Arg Glu Leu Ser Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Ile Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Ile Met Gly Tyr
 740 745 750
 Ala Pro Glu Ser Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

 755 760 765
 Ala Lys Gly Lys Lys Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Arg Ile Glu Asp
 770 775 780
 Ala Leu Lys Asn Leu Ala Pro Thr Ile Ser Lys Glu Asn Pro Thr Asp

785 790 795 800
 Asn Ile Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asn Gln Leu Ser

 820 825 830
 Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Lys Asp Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Lys Lys Arg Lys Ala Phe
 865 870 875 880
 Trp Gln Gln Leu Leu Asp Ser Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Asn

 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Asp Glu Arg Asp Lys Val
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Arg Ile Leu Asp Ala Arg Phe Asn Thr Glu Val Ser Glu Lys
 930 935 940
 Asn Gln Lys Ile Arg Ser Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu

 945 950 955 960
 Val Ser Asn Phe Arg Lys Glu Phe Lys Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala
 980 985 990
 Lys Ala Ile Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Leu Ser Lys Asp Pro Lys Glu Val

 1010 1015 1020
 Glu Lys Ala Thr Glu Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Leu Asn
 1025 1030 1035

Phe Phe	Lys Glu Glu Val His	Tyr Ala Asp Gly Thr	Ile Val Lys
1040	1045	1050	
Arg Glu	Asn Ile Glu Tyr Ser	Lys Asp Thr Gly Glu	Ile Ala Trp
1055	1060	1065	
Asn Lys	Glu Lys Asp Phe Val	Thr Ile Lys Lys Val	Leu Ser Tyr
1070	1075	1080	
Pro Gln	Val Asn Ile Val Lys	Lys Arg Glu Val Gln	Thr Gly Gly
1085	1090	1095	
Phe Ser	Lys Glu Ser Ile Leu	Pro Lys Gly Asn Ser	Asp Lys Leu
1100	1105	1110	
Ile Pro	Arg Lys Thr Lys Asp	Ile Leu Trp Asp Thr	Thr Lys Tyr
1115	1120	1125	
Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Val	Ile Ala Tyr Ser Ile	Leu Leu Ile
1130	1135	1140	
Ala Asp	Ile Glu Lys Gly Lys	Ala Lys Lys Leu Lys	Thr Val Lys
1145	1150	1155	
Thr Leu	Val Gly Ile Thr Ile	Met Glu Lys Ala Ala	Phe Glu Lys
1160	1165	1170	
Asn Pro	Ile Thr Phe Leu Glu	Asn Lys Gly Tyr His	Asn Val Arg
1175	1180	1185	
Lys Glu	Asn Ile Leu Cys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu
1190	1195	1200	
Glu Asn	Gly Arg Arg Arg Leu	Leu Ala Ser Ala Lys	Glu Leu Gln
1205	1210	1215	
Lys Gly	Asn Glu Ile Val Leu	Pro Val Tyr Leu Thr	Thr Leu Leu
1220	1225	1230	
Tyr His	Ser Lys Asn Val His	Lys Leu Asp Glu Pro	Glu His Leu
1235	1240	1245	
Glu Tyr	Ile Gln Lys His Arg	Tyr Glu Phe Lys Asp	Leu Leu Asn
1250	1255	1260	
Leu Val	Ser Glu Phe Ser Gln	Lys Tyr Val Leu Ala	Glu Ala Asn

1265 1270 1275
 Leu Glu Lys Ile Lys Ser Leu Tyr Val Asp Asn Glu Gln Ala Asp
 1280 1285 1290
 Ile Glu Ile Leu Ala Asn Ser Phe Ile Asn Leu Leu Thr Phe Thr
 1295 1300 1305
 Ala Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Phe Gly Lys Asp Val

1310 1315 1320
 Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Thr Val Ser Glu Ile Leu Asn Ala Thr
 1325 1330 1335
 Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp
 1340 1345 1350
 Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1355 1360

<210> 201

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus suis

<400> 201

Met Lys Lys Lys Tyr Ala Ile Gly Ile Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Phe Gly Asn Thr Glu Lys Arg Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Thr Leu Leu Phe Asp Glu Gly Asn Thr Ala Glu Asn Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Ile Asn Lys Ile Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Val Glu Asp Lys Gln
 100 105 110

Gly Ser Lys His Pro Ile Phe Gly Thr Leu Gln Glu Glu Lys Lys Tyr
 115 120 125
 His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Gln Lys Ala Asp Ile Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Lys Ser
 165 170 175
 Glu Asn Lys Asp Val Gln His Leu Phe Asn Asp Phe Val Glu Met Phe
 180 185 190
 Asp Lys Thr Val Glu Gly Ser Tyr Leu Ser Glu Asn Leu Pro Asn Val
 195 200 205
 Ala Asp Val Leu Val Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Ile Leu His Tyr Phe Pro Asn Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Phe Leu Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Glu Leu Ala Glu Asp Ala Lys Ile Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ile Ala Thr Lys Ser Leu Tyr Asp Gly Ile Leu Leu Ala Gly
 290 295 300
 Ile Leu Ser Thr Thr Asp Ser Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ser Ser
 305 310 315 320
 Met Val Asn Arg Tyr Glu Glu His Lys Lys Asp Leu Ala Leu Leu Lys
 325 330 335
 Asn Phe Ile His Gln Asn Leu Ser Asp Ser Tyr Lys Glu Val Phe Asn
 340 345 350
 Asp Lys Leu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr Thr

355 360 365
 Gln Glu Asn Phe Tyr Arg Phe Ile Lys Lys Ala Ile Glu Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Asp Tyr Phe Ile Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Val Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Glu Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Asn Arg Lys Ser Asp Glu Lys Ile Arg Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Met Val Asp Lys Glu Thr Ser Ala Glu Asn Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Gln Tyr Leu Pro Asp Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Met Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
 530 535 540
 Lys Lys Asp Ile Val Lys Thr Leu Phe Lys Thr Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Ala Lys Asp Ile Lys Ala Tyr Leu Glu Asn Ser Asn Gly Tyr Ala Gly
 565 570 575
 Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Glu Gln Phe Asn Ala Ser Leu Pro Thr

 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Leu Arg Asp Lys Ala Phe Ile Asp Ala
 595 600 605

Glu Glu Asn Gln Glu Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Lys Tyr Lys Asp
 625 630 635 640
 Ile Leu Thr Glu Glu Gln Arg Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Leu Asp Lys
 660 665 670
 Val Thr Arg Lys Thr Ile Leu Gly Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Thr Ser
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Ser Phe Val
 690 695 700
 Asp Glu Ile Arg Leu Ala Gln Gly Ser Gly Glu Ala Glu Asp Tyr Arg
 705 710 715 720
 Ala Glu Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Ile Glu Val Met Gly Tyr
 740 745 750
 Asp Pro Glu His Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Phe Thr
 755 760 765
 Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Lys Ile Glu Asn
 770 775 780
 Ala Ile Lys Asn Leu Asn Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Thr Asn
 785 790 795 800
 Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Glu Glu Leu Asp Ile Asp Gln Leu Ser
 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Leu Asp Asn Lys Val Leu Thr Lys Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860
 Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val His Lys Lys Lys Asn Phe
 865 870 875 880
 Trp Lys Gln Leu Leu Asp Ser Gln Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asn Glu Asp Lys Ala

 900 905 910
 Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Arg Ile Leu Asp Thr Arg Phe Asn Thr Lys Leu Asp Glu Ala
 930 935 940
 Gly Asn Arg Ile Arg Asp Pro Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Lys Ser
 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Tyr Gln Leu Tyr Lys Val Arg

 965 970 975
 Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Val Ala Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Ser Arg Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Glu Lys Val Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

 1025 1030 1035
 Arg Arg Val Leu Val Tyr Ser Lys Thr Gly Glu Val Arg Ile Arg
 1040 1045 1050
 Pro Val Ile Glu Val Asn Lys Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp
 1055 1060 1065
 Lys Lys Ser Asp Phe Arg Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro
 1070 1075 1080
 Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val Glu Met Gln Thr Gly Gly Phe

 1085 1090 1095

Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Gln	His Gly Asp Ser Asp	Lys Leu Ile
1100	1105	1110	
Pro Arg	Lys Thr Glu Lys Phe	Tyr Leu Asp Thr Lys	Lys Tyr Gly
1115	1120	1125	
Gly Phe	Asp Ser Pro Thr Ile	Ala Tyr Ser Val Leu	Leu Ile Ala
1130	1135	1140	
Asp Ile	Glu Lys Gly Lys Ala	Lys Lys Leu Lys Arg	Val Lys Glu
1145	1150	1155	
Leu Ile	Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Met Ala Phe	Glu Lys Asn
1160	1165	1170	
Pro Ile	Glu Phe Leu Glu His	Lys Gly Tyr Lys Asn	Ile Leu Glu
1175	1180	1185	
Lys Asn	Ile Ile Lys Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1190	1195	1200	
Asn Gly	Arg Arg Arg Leu Leu	Ala Ser Ala Lys Glu	Leu Gln Lys
1205	1210	1215	
Gly Asn	Glu Met Ile Leu Pro	Pro His Leu Val Thr	Leu Leu Tyr
1220	1225	1230	
His Ser	Ser Asn Ile His Lys	Ile Thr Glu Pro Ile	His Leu Asn
1235	1240	1245	
Tyr Val	Asn Lys Asn Lys His	Glu Phe Lys Glu Leu	Leu Arg His
1250	1255	1260	
Ile Ser	Asp Phe Ser Thr Arg	Tyr Ile Leu Ala Gln	Asp Arg Leu
1265	1270	1275	
Ser Lys	Ile Glu Glu Leu Tyr	Asp Lys Asn Asp Gly	Asp Asp Ile
1280	1285	1290	
Ser Asp	Leu Thr Ser Ser Phe	Val Asn Leu Leu Thr	Phe Thr Ala
1295	1300	1305	
Ile Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Phe Leu Gly Ser	Val Ile Asp
1310	1315	1320	
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser Ile	Ala Glu Ile Leu Glu	Ala Thr Leu

1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Lys Leu Gly Gly Asp
 1355
 <210> 202
 <211> 1361
 <212> PRT
 <213> Streptococcus suis
 <400> 202
 Met Lys Lys Lys Tyr Ala Ile Gly Ile Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

 20 25 30
 Lys Val Phe Gly Asn Thr Glu Lys Arg Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Thr Leu Leu Phe Asp Glu Gly Asn Thr Ala Glu Asn Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Ile Asn Lys Ile Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Val Glu Asp Lys Gln
 100 105 110
 Gly Ser Lys His Pro Ile Phe Gly Thr Leu Gln Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125
 His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Gln Lys Ala Asp Ile Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Lys Ser
 165 170 175

Glu Asn Lys Asp Val Gln His Leu Phe Asn Asp Phe Val Glu Met Phe
 180 185 190
 Asp Lys Thr Val Glu Gly Ser Tyr Leu Ser Glu Asn Leu Pro Asn Val
 195 200 205
 Ala Asp Val Leu Val Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
 210 215 220
 Ile Leu His Tyr Phe Pro Asn Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn
 225 230 235 240
 Phe Leu Thr Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Glu Leu Ala Glu Asp Ala Lys Ile Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ile Ala Thr Lys Ser Leu Tyr Asp Gly Ile Leu Leu Ala Gly
 290 295 300
 Ile Leu Ser Thr Thr Asp Ser Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ser Ser
 305 310 315 320
 Met Val Asn Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Ala Leu Leu Lys
 325 330 335
 Asn Phe Ile His Gln Asn Leu Ser Asp Ser Tyr Lys Glu Val Phe Asn
 340 345 350
 Asp Lys Leu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Asn Phe Tyr Arg Phe Ile Lys Lys Ala Ile Glu Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Asn Tyr Phe Ile Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

420 425 430
 Leu Val Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Asn Arg Lys Ser Asp Glu Lys Ile Arg Pro Trp Asn Phe Asp Glu

 465 470 475 480
 Met Val Asp Lys Glu Thr Ser Ala Glu Asn Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Gln Tyr Leu Pro Asp Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Val Thr Glu Gln Gly Lys Ser Phe Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Glu Lys Leu Met Asp Phe Leu Gly Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Leu Gly Leu Asp Lys Asp Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ser
 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Val Ser Lys Asp Leu Leu

 595 600 605
 Asp Asn Pro Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asn Val Val Leu Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Lys Tyr
 625 630 635 640
 Lys Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Arg Lys Lys Leu Glu Arg Arg His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg

 660 665 670

Asp Lys Val Thr Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Thr Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Ser
 690 695 700
 Phe Val Asp Glu Ile Arg Leu Ala Gln Gly Ser Gly Glu Ala Glu Asp
 705 710 715 720
 Tyr Arg Ala Glu Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Ile Glu Val Met
 740 745 750
 Gly Tyr Asp Pro Glu His Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Lys Ile
 770 775 780
 Glu Asn Ala Ile Lys Asn Leu Asn Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Pro
 785 790 795 800
 Thr Asn Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Glu Glu Leu Asp Ile Asp Gln
 820 825 830
 Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys
 835 840 845
 Asp Asp Ser Leu Asp Asn Lys Val Leu Thr Lys Ser Ala Lys Asn Arg
 850 855 860
 Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val His Lys Lys Lys
 865 870 875 880
 Asn Phe Trp Lys Gln Leu Leu Asp Ser Gln Leu Ile Ser Gln Arg Lys
 885 890 895
 Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asn Glu Asp
 900 905 910
 Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915	920	925	
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Thr Arg Phe Asn Thr Lys Leu Asp			
930	935	940	
Glu Ala Gly Asn Arg Ile Arg Asp Pro Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu			
945	950	955	960
Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Tyr Gln Leu Tyr Lys			
965	970	975	
Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn			
980	985	990	
Ala Val Val Ala Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro			
995	1000	1005	
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Ser			
1010	1015	1020	
Arg Lys Ala Thr Glu Lys Val Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn			
1025	1030	1035	
Phe Phe Arg Arg Val Leu Val Tyr Ser Lys Thr Gly Glu Val Arg			
1040	1045	1050	
Ile Arg Pro Val Ile Glu Val Asn Lys Glu Thr Gly Glu Ile Val			
1055	1060	1065	
Trp Asp Lys Lys Ser Asp Phe Arg Thr Val Arg Lys Val Leu Ser			
1070	1075	1080	
Tyr Pro Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val Glu Met Gln Thr Gly			
1085	1090	1095	
Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Gln His Gly Asp Ser Asp Lys			
1100	1105	1110	
Leu Ile Pro Arg Lys Thr Glu Lys Phe Tyr Leu Asp Thr Lys Lys			
1115	1120	1125	
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Leu			
1130	1135	1140	
Ile Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Arg Val			
1145	1150	1155	

Lys Glu Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Met Ala Phe Glu

1160

1165

1170

Lys Asn Pro Ile Glu Phe Leu Glu His Lys Gly Tyr Lys Asn Ile

1175

1180

1185

Leu Glu Lys Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu

1190

1195

1200

Leu Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu

1205

1210

1215

Gln Lys Gly Asn Glu Met Ile Leu Pro Pro His Leu Val Thr Leu

1220

1225

1230

Leu Tyr His Ser Ser Asn Ile His Lys Ile Thr Glu Pro Ile His

1235

1240

1245

Leu Asn Tyr Val Asn Lys Asn Lys His Glu Phe Lys Glu Leu Leu

1250

1255

1260

Arg His Ile Ser Asp Phe Ser Thr Arg Tyr Ile Leu Ala Gln Asp

1265

1270

1275

Arg Leu Ser Lys Ile Glu Glu Leu Tyr Asp Lys Asn Asp Gly Asp

1280

1285

1290

Asp Ile Ser Asp Leu Thr Ser Ser Phe Val Asn Leu Leu Thr Phe

1295

1300

1305

Thr Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Leu Gly Ser Val

1310

1315

1320

Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Ile Ala Glu Ile Leu Glu Ala

1325

1330

1335

Thr Leu Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile

1340

1345

1350

Asp Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1355

1360

<210> 203

<211> 1361

<212> PRT

<213> Streptococcus suis

<400> 203

Met Lys Lys Lys Tyr Ala Ile Gly Ile Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Phe Gly Asn Thr Glu Lys Arg Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu

35 40 45

Gly Thr Leu Leu Phe Asp Glu Gly Asn Thr Ala Glu Asn Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Ile Asn Lys Ile Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Val Glu Asp Lys Gln

100 105 110

Gly Ser Lys His Pro Ile Phe Gly Thr Leu Gln Glu Glu Lys Glu Tyr

115 120 125

His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Gln Lys Ala Asp Ile Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Lys Ser

165 170 175

Glu Asn Lys Asp Val Gln His Leu Phe Asn Asp Phe Val Glu Met Phe

180 185 190

Asp Lys Thr Val Glu Gly Ser Tyr Leu Ser Glu Asn Leu Pro Asn Val

195 200 205

Ala Asp Val Leu Val Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

210 215 220

Ile Leu His Tyr Phe Pro Asn Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn

225 230 235 240
 Phe Leu Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
 245 250 255
 Glu Leu Ala Glu Asp Ala Lys Ile Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp
 275 280 285
 Leu Phe Ile Ala Thr Lys Ser Leu Tyr Asp Gly Ile Leu Leu Ala Gly

 290 295 300
 Ile Leu Ser Thr Thr Asp Ser Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ser Ser
 305 310 315 320
 Met Val Asn Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Ala Leu Leu Lys
 325 330 335
 Asn Phe Ile His Gln Asn Leu Ser Asp Ser Tyr Lys Glu Val Phe Asn
 340 345 350
 Asp Lys Leu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr Thr

 355 360 365
 Gln Glu Asn Phe Tyr Arg Phe Ile Lys Lys Ala Ile Glu Lys Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Asn Tyr Phe Ile Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Val Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Asn Arg Lys Ser Asp Glu Lys Ile Arg Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480

Met Val Asp Lys Glu Thr Ser Ala Glu Asn Phe Ile Thr Arg Met Thr

485 490 495

Asn Tyr Asp Gln Tyr Leu Pro Asp Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg

515 520 525

Tyr Val Thr Glu Gln Gly Lys Ser Phe Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys

530 535 540

Gln Glu Ile Phe Asp Gly Val Phe Lys Val Tyr Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Glu Lys Leu Met Asp Phe Leu Gly Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile

565 570 575

Val Asp Leu Leu Gly Leu Asp Lys Asp Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ser

580 585 590

Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Lys Lys Ile Val Ser Lys Asp Leu Leu

595 600 605

Asp Asn Pro Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asn Val Val Leu Thr Leu

610 615 620

Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Lys Tyr

625 630 635 640

Lys Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Arg Lys Lys Leu Glu Arg Arg His

645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg

660 665 670

Asp Lys Val Thr Arg Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Thr Ser Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Ser

690 695 700

Phe Val Asp Glu Ile Arg Leu Ala Gln Gly Ser Gly Glu Ala Glu Asp

705 710 715 720

Tyr Arg Ala Glu Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735
Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Ile Glu Val Met

740 745 750
Gly Tyr Asp Pro Glu His Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
Phe Thr Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Lys Ile

770 775 780
Glu Asn Ala Ile Lys Asn Leu Asn Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Pro

785 790 795 800
Thr Asn Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815
Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Glu Glu Leu Asp Ile Asp Gln

820 825 830
Leu Ser Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys

835 840 845
Asp Asp Ser Leu Asp Asn Lys Val Leu Thr Lys Ser Ala Lys Asn Arg

850 855 860
Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val His Lys Lys Lys

865 870 875 880
Asn Phe Trp Lys Gln Leu Leu Asp Ser Gln Leu Ile Ser Gln Arg Lys

885 890 895
Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asn Glu Asp

900 905 910
Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925
Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Thr Arg Phe Asn Thr Lys Leu Asp

930 935 940
Glu Ala Gly Asn Arg Ile Arg Asp Pro Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu

945 950 955 960
Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Tyr Gln Leu Tyr Lys

965 970 975

Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn			
980	985	990	
Ala Val Val Ala Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro			
995	1000	1005	
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Ser			
1010	1015	1020	
Arg Lys Ala Thr Glu Lys Val Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn			
1025	1030	1035	
Phe Phe Arg Arg Val Leu Val Tyr Ser Lys Thr Gly Glu Val Arg			
1040	1045	1050	
Ile Arg Pro Val Ile Glu Val Asn Lys Glu Thr Gly Glu Ile Val			
1055	1060	1065	
Trp Asp Lys Lys Ser Asp Phe Arg Thr Val Arg Lys Val Leu Ser			
1070	1075	1080	
Tyr Pro Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val Glu Met Gln Thr Gly			
1085	1090	1095	
Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Gln His Gly Asp Ser Asp Lys			
1100	1105	1110	
Leu Ile Pro Arg Lys Thr Glu Lys Phe Tyr Leu Asp Thr Lys Lys			
1115	1120	1125	
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Leu			
1130	1135	1140	
Ile Ala Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Arg Val			
1145	1150	1155	
Lys Glu Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Met Ala Phe Glu			
1160	1165	1170	
Lys Asn Pro Ile Glu Phe Leu Glu His Lys Gly Tyr Lys Asn Ile			
1175	1180	1185	
Leu Glu Lys Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu			
1190	1195	1200	
Leu Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu			

1205 1210 1215
Gln Lys Gly Asn Glu Met Ile Leu Pro Pro His Leu Val Thr Leu
1220 1225 1230
Leu Tyr His Ser Ser Asn Ile His Lys Ile Thr Glu Pro Ile His

1235 1240 1245
Leu Asn Tyr Val Asn Lys Asn Lys His Glu Phe Lys Glu Leu Leu
1250 1255 1260
Arg His Ile Ser Asp Phe Ser Thr Arg Tyr Ile Leu Ala Gln Asp
1265 1270 1275
Arg Leu Ser Lys Ile Glu Glu Leu Tyr Asp Lys Asn Asp Gly Asp
1280 1285 1290
Asp Ile Ser Asp Leu Thr Ser Ser Phe Val Asn Leu Leu Thr Phe

1295 1300 1305
Thr Ala Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Leu Gly Ser Val
1310 1315 1320
Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Ile Ala Glu Ile Leu Glu Ala
1325 1330 1335
Thr Leu Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile
1340 1345 1350
Asp Leu Ser Lys Leu Gly Gly Asp
1355 1360

<210> 204

<211> 1359

<212> PRT

<213> Streptococcus suis

<400> 204

Met Lys Lys Lys Tyr Ala Ile Gly Ile Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Met
20 25 30
Lys Val Phe Gly Asn Thr Glu Lys Arg Tyr Ile Lys Lys Asn Leu Leu
35 40 45

Gly Thr Leu Leu Phe Asp Glu Gly Asn Thr Ala Glu Asn Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Ile Leu

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Ile Asn Lys Ile Asp Asp Ser

85

90

95

Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Ile Val Glu Asp Lys Gln

100

105

110

Gly Ser Lys His Pro Ile Phe Gly Thr Leu Gln Glu Glu Lys Lys Tyr

115

120

125

His Lys Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Gln Leu Ala Asp

130

135

140

Ser Ser Gln Lys Ala Asp Ile Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145

150

155

160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Lys Ser

165

170

175

Glu Asn Lys Asp Val Gln His Leu Phe Asn Asp Phe Val Glu Met Phe

180

185

190

Asp Lys Thr Val Glu Gly Ser Tyr Leu Ser Glu Asn Leu Pro Asn Val

195

200

205

Ala Asp Val Leu Val Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn

210

215

220

Ile Leu His Tyr Phe Pro Asn Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn

225

230

235

240

Phe Leu Ala Leu Ala Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe

245

250

255

Glu Leu Ala Glu Asp Ala Lys Ile Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu

260

265

270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Gly Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ala Asp

275

280

285

Leu Phe Ile Ala Thr Lys Ser Leu Tyr Asp Gly Ile Leu Leu Ala Gly

290 295 300
 Ile Leu Ser Thr Thr Asp Ser Thr Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ser Ser

 305 310 315 320
 Met Val Asn Arg Tyr Glu Glu His Lys Lys Asp Leu Ala Leu Leu Lys
 325 330 335
 Asn Phe Ile His Gln Asn Leu Ser Asp Ser Tyr Lys Glu Val Phe Asn
 340 345 350
 Asp Lys Leu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Lys Thr Thr
 355 360 365
 Gln Glu Asn Phe Tyr Arg Phe Ile Lys Lys Ala Ile Glu Lys Ile Glu

 370 375 380
 Gly Ser Asp Tyr Phe Ile Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Ile Arg Arg Gln Ala Glu Phe Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Val Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Lys Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Asn Arg Lys Ser Asp Glu Lys Ile Arg Pro Trp Asn Phe Asp Glu
 465 470 475 480
 Met Val Asp Lys Glu Thr Ser Ala Glu Asn Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Gln Tyr Leu Pro Asp Gln Lys Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Ala Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys
 515 520 525
 Phe Ile Ala Glu Gly Met Arg Asp Tyr Gln Phe Leu Asp Ser Gly Gln
 530 535 540

Lys Lys Asp Ile Val Lys Thr Leu Phe Lys Thr Lys Arg Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Ala Lys Asp Ile Lys Ala Tyr Leu Glu Asn Ser Asn Gly Tyr Ala Gly

 565 570 575
 Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Glu Gln Phe Asn Ala Ser Leu Pro Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Leu Arg Asp Lys Ala Phe Ile Asp Ala
 595 600 605
 Glu Glu Asn Gln Glu Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Lys Arg Leu Glu Lys Tyr Lys Asp

 625 630 635 640
 Ile Leu Thr Glu Glu Gln Arg Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile Leu Asp Lys
 660 665 670
 Val Thr Arg Lys Thr Ile Leu Gly Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Thr Ser
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Ser Phe Val

 690 695 700
 Asp Glu Ile Arg Leu Ala Gln Gly Ser Gly Glu Ala Glu Asp Tyr Arg
 705 710 715 720
 Ala Glu Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Ile Glu Val Met Gly Tyr
 740 745 750
 Asp Pro Glu His Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Phe Thr

 755 760 765
 Asn Gln Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Tyr Lys Lys Ile Glu Asn
 770 775 780
 Ala Ile Lys Asn Leu Asn Ser Lys Ile Leu Lys Glu Tyr Pro Thr Asn

785 790 795 800
 Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asp Glu Glu Leu Asp Ile Asp Gln Leu Ser

 820 825 830
 Gln Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Leu Asp Asn Lys Val Leu Thr Lys Ser Ala Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asp Val Pro Ser Leu Glu Ile Val His Lys Lys Lys Asn Phe
 865 870 875 880
 Trp Lys Gln Leu Leu Asp Ser Gln Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp

 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asn Glu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Arg Ile Leu Asp Thr Arg Phe Asn Thr Lys Leu Asp Glu Ala
 930 935 940
 Gly Asn Arg Ile Arg Asp Pro Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Lys Ser

 945 950 955 960
 Asn Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Asp Tyr Gln Leu Tyr Lys Val Arg
 965 970 975
 Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val
 980 985 990
 Val Ala Thr Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe
 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Tyr Asn Ser Tyr Lys Ser Arg Lys

 1010 1015 1020
 Ala Thr Glu Lys Val Leu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035

Arg Arg Val Leu Val Tyr Ser Lys Thr Gly Glu Val Arg Ile Arg		
1040	1045	1050
Pro Val Ile Glu Val Asn Lys Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp		
1055	1060	1065
Lys Lys Ser Asp Phe Lys Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro		
1070	1075	1080
Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val Glu Met Gln Thr Gly Gly Phe		
1085	1090	1095
Ser Lys Glu Ser Ile Leu Gln His Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile		
1100	1105	1110
Pro Arg Lys Thr Glu Lys Phe Tyr Leu Asp Thr Lys Lys Tyr Gly		
1115	1120	1125
Gly Phe Asp Ser Pro Thr Ile Ala Tyr Ser Val Leu Leu Ile Ala		
1130	1135	1140
Asp Ile Glu Lys Gly Lys Ala Lys Lys Leu Lys Arg Val Lys Glu		
1145	1150	1155
Leu Ile Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Met Ala Phe Glu Lys Asn		
1160	1165	1170
Pro Ile Glu Phe Leu Glu His Lys Gly Tyr Lys Asn Ile Leu Glu		
1175	1180	1185
Lys Asn Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu		
1190	1195	1200
Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Leu Gln Lys		
1205	1210	1215
Gly Asn Glu Met Ile Leu Pro Pro His Leu Val Thr Leu Leu Tyr		
1220	1225	1230
His Ser Ser Asn Ile His Lys Ile Thr Glu Pro Ile His Leu Asn		
1235	1240	1245
Tyr Val Asn Lys Asn Lys His Glu Phe Lys Glu Leu Leu Arg His		
1250	1255	1260
Ile Ser Asp Phe Ser Thr Arg Tyr Ile Leu Ala Gln Asp Arg Leu		

1265 1270 1275
 Ser Lys Ile Glu Glu Leu Tyr Asp Lys Asn Asp Gly Asp Asp Ile
 1280 1285 1290
 Ser Asp Leu Thr Ser Ser Phe Val Asn Leu Leu Thr Phe Thr Ala
 1295 1300 1305
 Ile Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Phe Leu Gly Ser Val Ile Asp

1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Ile Ala Glu Ile Leu Glu Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350

Ser Lys Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 205

<211> 1351

<212> PRT

<213> Streptococcus suis

<400> 205

Met Asp Gln Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Ala Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Lys Gln Ser Ile Lys Lys Asn Leu Leu
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Glu Glu Met Asn Lys Val Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Gln Arg Leu Asp Asp Ser Phe Leu Val Asp Glu Asp Lys Arg
 100 105 110

Gly Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Ala Ala Glu Val Lys Tyr
115 120 125
His Asp Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp
130 135 140
Ile Ser Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Gln Leu Lys Ala
165 170 175
Glu Asn Thr Asn Val Gln Ala Leu Phe Lys Asp Phe Val Glu Val Tyr
180 185 190
Asp Lys Thr Val Glu Glu Ser His Leu Ser Glu Met Thr Val Asp Ala
195 200 205
Leu Ser Ile Leu Thr Glu Lys Val Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn
210 215 220
Leu Ile Ala His Tyr Pro Ala Glu Lys Lys Asn Thr Leu Phe Gly Asn
225 230 235 240
Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Gln Pro Asn Phe Lys Thr Asn Phe
245 250 255
Gln Leu Ser Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Asp Thr Tyr Glu
260 265 270
Glu Asp Leu Glu Gly Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp
275 280 285
Leu Phe Ala Ser Ala Lys Asn Leu Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gly
290 295 300
Ile Leu Thr Val Asp Asp Asn Ser Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Val Lys Arg Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Lys Lys Leu Lys
325 330 335
Asp Phe Ile Lys Val Asn Ala Pro Asp Gln Tyr Asn Ala Ile Phe Lys
340 345 350
Asp Lys Asn Lys Lys Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Asn Gly Val Lys

355 360 365
 Gln Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Gly Ile Leu Leu Gln Ile Asn
 370 375 380
 Gly Ser Gly Asp Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Asp Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Met His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Glu His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Gln Asp Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Lys Gly Ser Arg Phe Ala Trp

 450 455 460
 Ala Glu Tyr Lys Ala Asp Glu Lys Ile Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp
 465 470 475 480
 Ile Leu Asp Lys Glu Lys Ser Ala Glu Lys Phe Ile Thr Arg Met Thr
 485 490 495
 Leu Asn Asp Leu Tyr Leu Pro Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Glu Thr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys

 515 520 525
 Tyr Val Asn Glu Gln Gly Glu Ala Lys Phe Phe Asp Ala Asn Met Lys
 530 535 540
 Gln Glu Ile Phe Asp His Val Phe Lys Glu Asn Arg Lys Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Asp Lys Leu Leu Asn Tyr Leu Gly Lys Glu Phe Asp Glu Phe Arg Ile
 565 570 575
 Val Asp Leu Thr Gly Leu Asp Lys Glu Asn Lys Val Phe Asn Ser Ser

 580 585 590
 Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Arg Lys Ile Leu Asp Lys Ser Phe Leu
 595 600 605

Asp Asn Lys Glu Asn Glu Gln Ile Ile Glu Asp Ile Ile Gln Thr Leu
 610 615 620
 Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Gln Arg Leu Gln Lys Tyr
 625 630 635 640
 Ser Asp Ile Phe Thr Lys Ala Gln Leu Lys Lys Leu Glu Arg Cys His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Tyr Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg
 660 665 670
 Asn Lys Glu Asn Lys Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Tyr Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ala Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Gln Val Ile Gly Glu Thr Asp Asp
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Val Val Ser Asp Ile Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met
 740 745 750
 Gly Tyr Asn Pro Ala Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Asp Lys Gly Arg Arg Asn Ser Gln Gln Arg Leu Lys Leu Leu
 770 775 780
 Gln Asp Ser Leu Lys Pro Val Asn Ile Lys Asn Val Glu Asn Gln Gln
 785 790 795 800
 Leu Gln Asn Asp Arg Leu Phe Leu Tyr Tyr Ile Gln Asn Gly Lys Asp
 805 810 815
 Met Tyr Thr Gly Glu Thr Leu Asp Ile Asn Asn Leu Ser Gln Tyr Asp
 820 825 830
 Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ala Phe Ile Lys Asp Asp Ser Phe Asp
 835 840 845
 Asn Arg Val Leu Thr Ser Ser Ser Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn

850 855 860
 Val Pro Ser Ile Glu Val Val Arg Ala Arg Lys Ala Asp Trp Met Arg
 865 870 875 880
 Leu Arg Lys Ala Gly Leu Ile Ser Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 885 890 895
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Asn Asp Lys Ala Gly Phe Ile

 900 905 910
 Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln
 915 920 925
 Val Leu Asp Ala Arg Phe Asn Ala Lys His Asp Glu Asn Lys Lys Val
 930 935 940
 Ile Arg Asp Val Lys Ile Ile Thr Leu Lys Ser Asn Leu Val Ser Gln
 945 950 955 960
 Phe Arg Lys Asp Phe Lys Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr

 965 970 975
 His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Ile Gly Thr Ala Leu
 980 985 990
 Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala Ser Glu Phe Val Tyr Gly Glu Phe
 995 1000 1005
 Lys Lys Tyr Asp Val Ser Asp Lys Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala
 1010 1015 1020
 Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Leu Met Asn Phe Phe Lys Lys Glu

 1025 1030 1035
 Val Lys Phe Ala Asp Gly Thr Val Val Glu Arg Pro Asp Ile Glu
 1040 1045 1050
 Thr Ser Glu Asp Gly Glu Ile Ala Trp Asn Lys Gln Thr Asp Phe
 1055 1060 1065
 Lys Ile Val Arg Lys Val Leu Ser Tyr Pro Gln Val Asn Ile Val
 1070 1075 1080
 Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr His Gly Leu Asp Arg Pro Ser Pro

 1085 1090 1095

Lys Pro	Lys Pro Asp Ser Ser	Glu Asn Leu Val Gly	Val Lys Arg
1100	1105	1110	
Asn Leu	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Tyr Ala Gly	Ile Ser Asn
1115	1120	1125	
Ser Tyr	Ala Val Leu Val Lys	Ala Ile Ile Glu Lys	Gly Val Lys
1130	1135	1140	
Lys Lys	Glu Thr Met Val Leu	Glu Phe Gln Gly Ile	Ser Ile Leu
1145	1150	1155	
Asp Arg	Ile Thr Phe Glu Lys	Asp Lys Arg Ala Phe	Leu Leu Gly
1160	1165	1170	
Lys Gly	Tyr Lys Asp Ile Lys	Lys Ile Ile Glu Leu	Pro Lys Tyr
1175	1180	1185	
Ser Leu	Phe Glu Leu Lys Asp	Gly Ser Arg Arg Met	Leu Ala Ser
1190	1195	1200	
Arg Gly	Glu Ile His Lys Gly	Asn Glu Leu Phe Val	Pro Gln Lys
1205	1210	1215	
Phe Thr	Thr Leu Leu Tyr His	Ala Lys Arg Ile Asn	Asn Pro Ile
1220	1225	1230	
Asn Lys	Asp His Ile Glu Tyr	Val Lys Lys His Arg	Asp Asp Phe
1235	1240	1245	
Lys Glu	Leu Leu Asn Tyr Val	Leu Glu Phe Asn Glu	Lys Tyr Val
1250	1255	1260	
Gly Ala	Thr Lys Asn Gly Glu	Arg Leu Lys Glu Ala	Val Ala Asp
1265	1270	1275	
Phe Asp	Ser Lys Ser Asn Glu	Glu Ile Cys Thr Ser	Phe Leu Gly
1280	1285	1290	
Leu Phe	Glu Leu Thr Ser Leu	Gly Ser Ala Ser Asp	Phe Glu Phe
1295	1300	1305	
Leu Gly	Val Lys Ile Pro Arg	Tyr Arg Asp Tyr Thr	Pro Ser Ser
1310	1315	1320	
Leu Leu	Lys Asp Ser Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu

1325 1330 1335
 Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Lys Leu Gly Glu Asp
 1340 1345 1350
 <210> 206
 <211> 1256
 <212> PRT
 <213> Brochothrix thermosphacta
 <400> 206
 Met Trp Gly Val Ser Leu Phe Glu Ala Gly Lys Thr Ala Ala Glu Arg
 1 5 10 15
 Arg Gly Tyr Arg Ser Thr Arg Arg Arg Leu Asn His Arg Lys Phe Arg
 20 25 30

 Leu Arg Leu Leu Glu Asp Met Phe Glu Lys Glu Ile Leu Ser Lys Asp
 35 40 45
 Pro Ser Phe Phe Ile Arg Leu Lys Glu Ala Phe Leu Ser Pro Lys Asp
 50 55 60
 Glu Gln Lys Gln Phe Leu Phe Asn Asp Lys Asp Tyr Thr Asp Ala Asp
 65 70 75 80
 Tyr Tyr Glu Gln Tyr Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Tyr Asp Leu Ile
 85 90 95

 Ser Gln His Arg Gln Phe Asp Ile Arg Glu Val Tyr Leu Ala Ile His
 100 105 110
 His Leu Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Ile Tyr Glu Asp Gln Thr Phe
 115 120 125
 Thr Thr Asp Gly Asn Gln Leu Gln His His Ile Lys Ala Ile Ile Thr
 130 135 140
 Met Ile Asn Ser Thr Leu Asn Arg Ile Ile Pro Glu Thr Ile Asp Ile
 145 150 155 160

 Asn Val Phe Glu Lys Ile Leu Leu Asp Arg Met Met Asn Arg Ser Ser
 165 170 175
 Lys Val Lys Phe Leu Ile Glu Leu Thr Gly Lys Gln Asp Lys Pro Leu
 180 185 190

Leu Lys Glu Leu Phe Asn Leu Ile Val Gly Leu Lys Ala Lys Pro Ala
 195 200 205
 Ser Ile Phe Glu Gln Glu Asn Leu Ala Thr Ile Val Glu Thr Met Asn
 210 215 220

 Met Ser Thr Glu Gln Val Gln Leu Asp Leu Leu Thr Leu Ala Asp Val
 225 230 235 240
 Leu Ala Asp Glu Glu Tyr Asp Leu Leu Leu Thr Ala Gln Lys Ile Tyr
 245 250 255
 Ser Ala Ile Ile Leu Asp Glu Ser Met Asp Gly Tyr Glu Tyr Phe Ala
 260 265 270
 Glu Ala Lys Lys Glu Ser Tyr Arg Lys His Gln Glu Glu Leu Val Leu
 275 280 285

 Val Lys Lys Met Leu Lys Ser Asn Ala Ile Thr Asn Asp Glu Arg Ala
 290 295 300
 Lys Phe Glu Tyr Phe Tyr Thr Asp Tyr Ile Gly Tyr Glu Glu Ser Lys
 305 310 315 320
 Ser Lys Glu Glu Arg Leu Phe Lys His Ile Glu Leu Leu Leu Ala Lys
 325 330 335
 Glu Asn Val Leu Thr Thr Val Glu His Ala Leu Leu Glu Lys Asn Ile
 340 345 350

 Thr Phe Ala Ser Leu Leu Pro Leu Gln Arg Ser Ser Arg Asn Ala Val
 355 360 365
 Ile Pro Tyr Gln Val His Glu Lys Glu Leu Val Ala Ile Leu Glu Asn
 370 375 380
 Gln Ala Thr Tyr Tyr Pro Phe Leu Leu Glu Gln Lys Asp Asn Ile His
 385 390 395 400
 Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asp
 405 410 415

 Gln Lys Asp Ser Glu Phe Ala Trp Met Val Arg Lys Gln Ala Gly Lys
 420 425 430
 Ile Thr Pro Phe Asn Phe Glu Glu Met Val Asp Ile Asp Ala Ser Ser

435 440 445
 Glu Ala Phe Ile Lys Arg Met Thr Asn Lys Cys Thr Tyr Leu Ile His
 450 455 460
 Glu Asp Val Ile Pro Lys His Ser Phe Ser Tyr Ala Lys Phe Glu Val
 465 470 475 480

 Leu Asn Glu Leu Asn Lys Ile Arg Leu Asp Gly Lys Pro Ile Asp Ile
 485 490 495
 Pro Leu Lys Lys Arg Ile Phe Glu Gly Leu Phe Leu Glu Lys Thr Lys
 500 505 510
 Val Thr Gln Thr Ser Leu Lys Lys Trp Leu Ala Glu His Glu His Met
 515 520 525
 Thr Val Ser Val Val Gln Gly Thr Gln Lys Glu Thr Glu Phe Ala Thr
 530 535 540

 Ser Leu Gln Ala Phe His Arg Phe Val Lys Ile Phe Asp Arg Glu Thr
 545 550 555 560
 Val Ser Asn Pro Ala Asn Glu Glu Met Phe Glu Lys Ile Ile Tyr Trp
 565 570 575
 Ser Thr Val Phe Glu Asp Lys Lys Ile Met Arg Arg Lys Leu Ser Glu
 580 585 590
 Tyr Pro Gln Leu Thr Glu Gln Gln Gln Val Gln Leu Ala Gln Val Arg
 595 600 605

 Phe Arg Gly Trp Gly Arg Leu Ser Gln Arg Leu Ile Asn Arg Ile Lys
 610 615 620
 Thr Pro Glu Asp His Lys Leu Ser Ile Asn Glu Ile Leu Gln Thr Asn
 625 630 635 640
 Glu Asn Phe Met Gln Ile Ile Arg Asn Lys Asp Tyr Leu Phe Lys Lys
 645 650 655
 Ile Ile Glu Glu Gln Phe Glu Asn Glu Thr Ala Leu Leu Asn Lys Gln
 660 665 670

 Arg Ile Asp Glu Leu Ala Ala Ser Pro Ala Asn Lys Lys Gly Ile Trp
 675 680 685

Gln Ala Ile Lys Ile Val Lys Glu Leu Glu Lys Val Leu Gln Gln Pro
690 695 700

Ala Glu Asn Ile Phe Ile Glu Phe Ala Arg Ser Asp Glu Glu Ser Lys
705 710 715 720

Arg Ser Thr Pro Arg Asp Lys Phe Ile Glu Lys Ala Tyr Ala Glu Thr
725 730 735

Asp Thr Glu His Leu Lys Glu Leu Lys Gln Arg Ser Lys Gln Leu Ser
740 745 750

Ser Gln Arg Leu Phe Leu Tyr Phe Ile Gln Asn Gly Lys Cys Met Tyr
755 760 765

Ser Gly Glu His Leu Asp Ile Glu Arg Leu Asp Ser Tyr Glu Val Asp
770 775 780

His Ile Leu Pro Gln Ser Tyr Ile Lys Asp Asn Ser Ile Glu Asn Leu
785 790 795 800

Ala Leu Val Lys Lys Val Glu Asn Gln Arg Lys Lys Asp Ser Leu Leu
805 810 815

Leu Asn Ser Ser Ile Ile Asn Gln Asn Tyr Ser Arg Trp Glu Gln Leu
820 825 830

Lys Asn Ala Gly Leu Ile Gly Glu Lys Lys Phe Arg Asn Leu Thr Arg
835 840 845

Thr Lys Ile Thr Asp Arg Asp Lys Glu Gly Phe Ile Ala Arg Gln Leu
850 855 860

Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Thr Gln Leu Leu Gln Gln
865 870 875 880

Glu Tyr Lys Asp Thr Thr Lys Val Phe Ala Ile Lys Ala Thr Leu Val
885 890 895

Ser Gly Leu Arg Arg Lys Phe Glu Phe Ile Lys Asn Arg Asn Val Asn
900 905 910

Asp Tyr His His Ala Gln Asp Ala Phe Leu Val Ala Phe Leu Gly Thr
915 920 925

Asn Ile Thr Ser Asn Tyr Pro Lys Ile Glu Met Glu Tyr Leu Phe Lys

930	935	940	
Gly Tyr Gln His Tyr Leu Asn Glu Val Gly Lys Ala Ala Lys Pro Lys			
945	950	955	960
Phe Thr Phe Ile Val Glu Asn Leu Ser Lys Gln Gln Asn Ser Thr Thr			
	965	970	975
Gly Glu Val Lys Trp Asn Pro Glu Val Asp Ile Ala Lys Leu Lys Arg			
	980	985	990
Ile Leu Asn Phe Lys Gln Cys Asn Ile Val Arg Lys Val Glu Glu Gln			
	995	1000	1005
Ser Gly Ala Leu Phe Lys Glu Thr Ile Tyr Pro Val Glu Glu Ser			
	1010	1015	1020
Ser Ser Lys Thr Ile Pro Leu Lys Lys His Leu Asp Thr Ala Ile			
	1025	1030	1035
Tyr Gly Gly Tyr Thr Ala Val Asn Tyr Ala Ser Tyr Ala Leu Ile			
	1040	1045	1050
Gln Phe Lys Lys Gly Arg Lys Leu Lys Arg Glu Ile Ile Gly Ile			
	1055	1060	1065
Pro Leu Ala Val Gln Thr Arg Ile Asp Asn Ser Glu Thr Ser Leu			
	1070	1075	1080
Gln Ala Tyr Ile Ala Glu Gln Ile Lys Ser Glu Val Glu Ile Leu			
	1085	1090	1095
Asn Gly Arg Ile Leu Lys Tyr Gln Leu Ile Ser Asn Asn Gly Asn			
	1100	1105	1110
Arg Leu Tyr Ile Ala Gly Ser Glu Arg His Asn Ala Arg Gln Leu			
	1115	1120	1125
Ile Val Ser Asp Glu Ala Ala Lys Val Ile Trp Leu Ile Ser Thr			
	1130	1135	1140
Lys Gln Ala Asp Glu Ala Met Phe Leu Lys Tyr Tyr Arg Leu Glu			
	1145	1150	1155
His Leu Glu Ala Val Phe Glu Glu Leu Ile Arg Lys Gln Ala Ala			
	1160	1165	1170

Asp Tyr Gln Ile Phe Glu Lys Leu Ile Lys Lys Ile Glu Val Asn
 1175 1180 1185
 Phe Tyr Ser Cys Thr Tyr Asn Glu Lys Val Lys Val Ile Glu Leu
 1190 1195 1200
 Leu Lys Ile Thr Gln Ala Asn Ala Thr Asn Gly Asp Leu Lys Leu
 1205 1210 1215
 Leu Lys Met Ser Asn Arg Glu Gly Arg Leu Gly Ser Val Ser Val
 1220 1225 1230

Ala Leu Asp Phe Lys Ile Ile Asn Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr
 1235 1240 1245
 Gln Ser Ile Glu Asp Tyr Asn Asn
 1250 1255

<210> 207

<211> 1290

<212> PRT

<213> Catenibacterium mitsuokai

<400> 207

Ile Val Asp Tyr Cys Ile Gly Leu Asp Leu Gly Thr Gly Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Trp Ala Val Val Asp Met Asn His Arg Leu Met Lys Arg Asn Gly Lys
 20 25 30

His Leu Trp Gly Ser Arg Leu Phe Ser Asn Ala Glu Thr Ala Ala Asn
 35 40 45
 Arg Arg Ala Ser Arg Ser Ile Arg Arg Arg Tyr Asn Lys Arg Arg Glu
 50 55 60
 Arg Ile Arg Leu Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asp Met Val Leu Glu Lys
 65 70 75 80
 Asp Pro Thr Phe Phe Ile Arg Leu Glu His Thr Ser Phe Leu Asp Glu
 85 90 95

Glu Asp Lys Ala Lys Tyr Leu Gly Asp Asn Tyr Asn Leu Phe Ile Asp
 100 105 110
 Glu Asp Phe Asn Asp Tyr Thr Tyr Tyr His Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr

115	120	125	
His Leu Arg Lys Ala Leu Cys Glu Ser Thr Glu Lys Ala Asp Pro Arg			
130	135	140	
Leu Ile Tyr Leu Ala Leu His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly Asn Phe			
145	150	155	160
Leu Tyr Glu Gly Gln Lys Phe Asn Met Asp Ala Ser Asn Ile Glu Asp			
165	170	175	
Lys Leu Ser Asp Ile Phe Thr Gln Phe Thr Ser Phe Asn Asn Ile Pro			
180	185	190	
Tyr Glu Asp Asp Lys Lys Asn Leu Glu Ile Leu Glu Ile Leu Lys Lys			
195	200	205	
Pro Leu Ser Lys Lys Ala Lys Val Asp Glu Val Met Thr Leu Ile Ala			
210	215	220	
Pro Glu Lys Asp Tyr Lys Ser Ala Phe Lys Glu Leu Val Thr Gly Ile			
225	230	235	240
Ala Gly Asn Lys Met Asn Val Thr Lys Met Ile Leu Cys Glu Pro Ile			
245	250	255	
Lys Gln Gly Asp Ser Glu Ile Lys Leu Lys Phe Ser Asp Ser Asn Tyr			
260	265	270	
Asp Asp Gln Phe Ser Glu Val Glu Lys Asp Leu Gly Glu Tyr Val Glu			
275	280	285	
Phe Val Asp Ala Leu His Asn Val Tyr Ser Trp Val Glu Leu Gln Thr			
290	295	300	
Ile Met Gly Ala Thr His Thr Asp Asn Ala Ser Ile Ser Glu Ala Met			
305	310	315	320
Val Ser Arg Tyr Asn Lys His His Asp Asp Leu Lys Leu Leu Lys Asp			
325	330	335	
Cys Ile Lys Asn Asn Val Pro Asn Lys Tyr Phe Asp Met Phe Arg Asn			
340	345	350	
Asp Ser Glu Lys Ser Lys Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ile Asn Arg Lys Ala			
355	360	365	

Pro Val Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Val Lys Lys Cys Ile Glu Lys Val
370 375 380

Asp Thr Pro Glu Ala Lys Gln Ile Leu Asn Asp Ile Glu Leu Glu Asn
385 390 395 400

Phe Leu Leu Lys Gln Asn Ser Arg Thr Asn Gly Ser Val Pro Tyr Gln
405 410 415

Met Gln Leu Asp Glu Met Ile Lys Ile Ile Asp Asn Gln Ala Glu Tyr
420 425 430

Tyr Pro Ile Leu Lys Glu Lys Arg Glu Gln Leu Leu Ser Ile Leu Thr
435 440 445

Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Phe Gly Pro Leu Glu Thr Ser Glu His Ala
450 455 460

Trp Ile Lys Arg Leu Glu Gly Lys Glu Asn Gln Arg Ile Leu Pro Trp
465 470 475 480

Asn Tyr Gln Asp Ile Val Asp Val Asp Ala Thr Ala Glu Gly Phe Ile
485 490 495

Lys Arg Met Arg Ser Tyr Cys Thr Tyr Phe Pro Asp Glu Glu Val Leu
500 505 510

Pro Lys Asn Ser Leu Ile Val Ser Lys Tyr Glu Val Tyr Asn Glu Leu
515 520 525

Asn Lys Ile Arg Val Asp Asp Lys Leu Leu Glu Val Asp Val Lys Asn
530 535 540

Asp Ile Tyr Asn Glu Leu Phe Met Lys Asn Lys Thr Val Thr Glu Lys
545 550 555 560

Lys Leu Lys Asn Trp Leu Val Asn Asn Gln Cys Cys Ser Lys Asp Ala
565 570 575

Glu Ile Lys Gly Phe Gln Lys Glu Asn Gln Phe Ser Thr Ser Leu Thr
580 585 590

Pro Trp Ile Asp Phe Thr Asn Ile Phe Gly Lys Ile Asp Gln Ser Asn
595 600 605

Phe Asp Leu Ile Glu Asn Ile Ile Tyr Asp Leu Thr Val Phe Glu Asp

610	615	620	
Lys Lys Ile Met Lys Arg Arg Leu Lys Lys Lys Tyr Ala Leu Pro Asp			
625	630	635	640
Asp Lys Val Lys Gln Ile Leu Lys Leu Lys Tyr Lys Asp Trp Ser Arg			
	645	650	655
Leu Ser Lys Lys Leu Leu Asp Gly Ile Val Ala Asp Ser Val Thr Val			
	660	665	670
Leu Asp Val Leu Glu Ser Arg Leu Asn Leu Met Glu Ile Ile Asn Asp			
	675	680	685
Lys Asp Leu Gly Tyr Ala Gln Met Ile Glu Glu Ala Thr Ser Cys Pro			
	690	695	700
Glu Asp Gly Lys Phe Thr Tyr Glu Glu Val Glu Arg Leu Ala Gly Ser			
705	710	715	720
Pro Ala Leu Lys Arg Gly Ile Trp Gln Ser Leu Gln Ile Val Glu Glu			
	725	730	735
Ile Thr Lys Val Met Lys Cys Arg Pro Lys Tyr Ile Tyr Ile Glu Phe			
	740	745	750
Glu Arg Ser Glu Glu Lys Glu Arg Thr Glu Ser Lys Ile Lys Lys Leu			
	755	760	765
Glu Asn Val Tyr Lys Asp Glu Gln Thr Ser Val Leu Glu Glu Leu Lys			
	770	775	780
Gly Phe Asp Asn Thr Lys Lys Ile Ser Ser Asp Ser Leu Phe Leu Tyr			
785	790	795	800
Phe Thr Gln Leu Gly Lys Cys Met Tyr Ser Gly Lys Lys Leu Asp Ile			
	805	810	815
Asp Ser Leu Asp Lys Tyr Gln Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Leu			
	820	825	830
Val Lys Asp Asp Ser Phe Asp Asn Arg Val Leu Val Val Pro Ser Glu			
	835	840	845
Asn Gln Arg Lys Leu Asp Asp Leu Val Val Pro Phe Asp Ile Arg Asp			
	850	855	860

Lys Met Tyr Arg Phe Trp Lys Leu Leu Phe Asp His Glu Leu Ile Ser
 865 870 875 880
 Pro Lys Lys Phe Tyr Ser Leu Ile Lys Thr Glu Tyr Thr Glu Arg Asp
 885 890 895
 Glu Glu Arg Phe Ile Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr
 900 905 910
 Lys Asn Val Thr Gln Ile Ile Glu Asp His Tyr Ser Thr Thr Lys Val
 915 920 925

 Ala Ala Ile Arg Ala Asn Leu Ser His Glu Phe Arg Val Lys Asn His
 930 935 940
 Ile Tyr Lys Asn Arg Asp Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala
 945 950 955 960
 Tyr Ile Val Ala Leu Ile Gly Gly Phe Met Arg Asp Arg Tyr Pro Asn
 965 970 975
 Met His Asp Ser Lys Ala Val Tyr Ser Glu Tyr Met Lys Met Phe Arg
 980 985 990

 Asn Lys Asn Asp Gln Lys Gly Phe Val Ile Asn Ser Met Asn Tyr Pro
 995 1000 1005
 Tyr Glu Val Asp Gly Lys Leu Ile Trp Asn Pro Asp Leu Ile Asn
 1010 1015 1020
 Glu Ile Lys Lys Cys Phe Tyr Tyr Lys Asp Cys Tyr Cys Thr Thr
 1025 1030 1035
 Lys Leu Asp Gln Lys Ser Gly Gln Leu Phe Asn Thr Val Leu Ser
 1040 1045 1050

 Asn Asp Ala His Ala Asp Lys Gly Ala Val Val Pro Val Asn Lys
 1055 1060 1065
 Asn Arg Ser Asp Val His Lys Tyr Gly Gly Phe Ser Gly Leu Gln
 1070 1075 1080
 Tyr Thr Ile Val Ala Ile Glu Gly Gln Lys Lys Lys Gly Lys Lys
 1085 1090 1095
 Thr Glu Leu Val Lys Lys Ile Ser Gly Val Pro Leu His Leu Lys

1100	1105	1110
Ala Ala Ser Ile Asn Glu Lys	Ile Asn Tyr Ile Glu	Glu Lys Glu
1115	1120	1125
Gly Leu Ser Asp Val Arg Ile	Ile Lys Asp Asn Ile	Pro Val Asn
1130	1135	1140
Gln Met Ile Glu Met Asp Gly	Gly Glu Tyr Leu Leu	Thr Ser Glu
1145	1150	1155
Tyr Val Asn Ala Arg Gln Leu	Val Leu Asn Glu Lys	Gln Cys Ala
1160	1165	1170
Leu Ile Ala Asp Ile Tyr Asn	Ala Ile Tyr Lys Gln	Asp Tyr Asp
1175	1180	1185
Asn Leu Asp Asp Ile Leu Met	Ile Gln Leu Tyr Ile	Glu Leu Thr
1190	1195	1200
Asn Lys Met Lys Val Leu Tyr	Pro Ala Tyr Arg Gly	Ile Ala Glu
1205	1210	1215
Lys Phe Glu Ser Tyr Val Val	Ile Ser Lys Glu Glu	Lys Ala Asn
1220	1225	1230
Ile Ile Gln Met Leu Ile Val	Met His Arg Gly Pro	Gln Asn Gly
1235	1240	1245
Asn Ile Val Tyr Asp Asp Phe	Lys Ile Ser Asp Arg	Ile Gly Arg
1250	1255	1260
Leu Lys Thr Lys Asn His Asn	Leu Asn Ile Val Phe	Ile Ser Gln
1265	1270	1275
Ser Pro Thr Gly Ile Tyr Thr	Lys Lys Tyr Lys Leu	
1280	1285	1290
<210> 208		
<211> 1359		
<212> PRT		
<213> Artificial Sequence		
<220><223> Synthetic Polypeptide		
<400> 208		

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly

 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu

500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser

565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His

625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His

740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser

 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
 865 870 875 880
 Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990

Thr	Ala	Leu	Ile	Lys	Lys	Tyr	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Phe	Val	Tyr
995				1000				1005							
Gly	Asp	Tyr	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Ser	Glu	Gln	Glu	Ile	Gly	Lys	
1010				1015				1020							
Ala	Thr	Ala	Lys	Tyr	Phe	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Asn	Phe	Phe	
1025				1030				1035							
Lys	Thr	Glu	Ile	Thr	Leu	Ala	Asn	Gly	Glu	Ile	Arg	Lys	Arg	Pro	
1040				1045				1050							
Leu	Ile	Glu	Thr	Asn	Gly	Glu	Thr	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp	Lys	
1055				1060				1065							
Gly	Arg	Asp	Phe	Ala	Thr	Val	Arg	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Pro	Gln	
1070				1075				1080							
Val	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Val	Gln	Thr	Gly	Gly	Phe	Ser	
1085				1090				1095							
Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Pro	Lys	Arg	Asn	Ser	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala	
1100				1105				1110							
Arg	Lys	Lys	Asp	Trp	Asp	Pro	Lys	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	
1115				1120				1125							
Pro	Thr	Val	Ala	Tyr	Ser	Val	Leu	Val	Val	Ala	Lys	Val	Glu	Lys	
1130				1135				1140							
Gly	Lys	Ser	Lys	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Leu	Gly	Ile	
1145				1150				1155							
Thr	Ile	Met	Glu	Arg	Ser	Ser	Phe	Glu	Lys	Asn	Pro	Ile	Asp	Phe	
1160				1165				1170							
Leu	Glu	Ala	Lys	Gly	Tyr	Lys	Glu	Val	Lys	Lys	Asp	Leu	Ile	Ile	
1175				1180				1185							
Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg	Lys	
1190				1195				1200							
Arg	Met	Leu	Ala	Ser	Gly	Glu	Leu	Gln	Lys	Gly	Asn	Glu	Leu	Ala	
1205				1210				1215							
Leu	Pro	Ser	Lys	Tyr	Val	Asn	Phe	Leu	Tyr	Leu	Ala	Ser	His	Tyr	

1220 1225 1230
 Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
 1235 1240 1245
 Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1250 1255 1260
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1265 1270 1275
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1280 1285 1290
 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1295 1300 1305
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1310 1315 1320
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1325 1330 1335
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1340 1345 1350
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355
 <210> 209
 <211> 1317
 <212> PRT
 <213> Clostridiales bacterium S5-A11
 <400> 209
 Met Lys Asn Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly

1 5 10 15
 Trp Ala Val Ile Lys Asp Asp Leu Thr Leu Val Arg Lys Lys Ile Lys
 20 25 30
 Ile Ser Gly Asn Thr Asp Lys Lys Glu Val Lys Lys Asn Leu Trp Gly
 35 40 45
 Ser Phe Leu Phe Glu Gln Gly Asp Thr Ala Gln Asp Thr Arg Val Lys
 50 55 60

Arg Ile Ala Arg Arg Arg Tyr Glu Arg Arg Arg Phe Arg Ile Arg Glu

65 70 75 80

Leu Gln Lys Ile Phe Asp Lys Ser Met Gly Glu Val Asp Ser Asn Phe

85 90 95

Phe His Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Glu Tyr

100 105 110

Ser Lys Tyr Pro Ile Phe Ser Asn Glu Lys Glu Asp Lys Asn Tyr Tyr

115 120 125

Asp Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Asp Leu Ala Asp Ser

130 135 140

Asn Gln Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met

145 150 155 160

Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Lys Met Asp

165 170 175

Gly Ile Ser Ile Ser Glu Ser Phe Gln Glu Phe Ile Asp Ser Tyr Asn

180 185 190

Glu Val Cys Ala Leu Glu Asp Glu Asn Asn Asp Glu Leu Leu Thr Gln

195 200 205

Ile Glu Asn Ile Phe Lys Gln Asp Ile Ser Arg Ser Lys Lys Leu Asp

210 215 220

Gln Ala Ile Ala Leu Phe Gln Gly Lys Arg Gln Ser Leu Phe Gly Ile

225 230 235 240

Phe Leu Thr Leu Ile Val Gly Asn Lys Ala Asn Phe Gln Lys Ile Phe

245 250 255

Asn Leu Glu Asp Asp Ile Lys Leu Asp Leu Lys Glu Glu Asp Tyr Asp

260 265 270

Glu Asn Leu Glu Glu Leu Leu Ser Asn Ile Asp Glu Gly Tyr Arg Asp

275 280 285

Val Phe Leu Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asn Ala Ile Glu Leu Ser Lys

290 295 300

Ile Leu Lys Thr Asp Gly Lys Glu Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Gln

305 310 315 320
 Met Val Glu Leu Tyr Asn Gln His Arg Glu Asp Leu Lys Lys Tyr Lys

 325 330 335
 Asp Tyr Ile Lys Ala Tyr Leu Pro Glu Lys Tyr Gly Glu Thr Phe Lys
 340 345 350
 Asp Ala Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Ser
 355 360 365
 Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Ala Gln Leu Lys Gly Glu Glu
 370 375 380
 Asn Gly Glu Tyr Phe Leu Glu Ala Ile Glu Asn Glu Asn Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Ser Phe Tyr Asn Gly Val Ile Pro Tyr Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Gln Glu Leu Thr Ala Val Leu Asp Gln Gln Glu Lys His Tyr Ser Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Arg Asp Lys Ile Ile Ser Leu Leu Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Glu Ser Arg Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Glu Arg Ser Asn Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Phe Asp
 465 470 475 480
 Lys Ile Val Asp Ile Asp Lys Ser Ala Glu Leu Phe Ile Glu Asn Leu
 485 490 495
 Thr Ser Arg Asp Thr Tyr Leu Pro Asp Glu Pro Val Leu Pro Lys Arg
 500 505 510
 Ser Leu Ile Tyr Gln Lys Phe Thr Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Ile

 515 520 525
 Ser Tyr Ile Asp Glu Arg Gly Ile Leu Gln Asn Phe Ser Ser Arg Glu
 530 535 540
 Lys Ile Ala Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Asn Lys Ser Lys Val Thr
 545 550 555 560

Lys Asn Gln Leu Val Lys Tyr Ile Glu Asn Lys Glu Gln Ile Ile Ala
 565 570 575
 Pro Glu Ile Lys Gly Ile Glu Asp Ser Phe Asn Ser Asn Tyr Ser Thr
 580 585 590
 Tyr Ile Asp Leu Ser Lys Ile Pro Asp Met Lys Leu Leu Glu Lys Asp
 595 600 605
 Glu Asp Glu Ile Leu Glu Glu Ile Ile Lys Ile Leu Thr Ile Phe Glu
 610 615 620
 Asp Arg Lys Met Arg Lys Arg Gln Leu Met Lys Phe Lys Asp Lys Leu
 625 630 635 640
 Ser Glu Lys Ala Ile Asn Gln Leu Ser Lys Lys His Tyr Thr Gly Trp
 645 650 655
 Gly Gln Leu Ser Glu Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Glu Gln Ser
 660 665 670
 Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asn Gly Cys Pro Lys Asn
 675 680 685
 Met Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Thr Leu Ser Phe
 690 695 700
 Lys Glu Lys Ile Arg Lys Ala Gln Asp Ile Asn Gln Val Asn Asp Ile
 705 710 715 720
 Lys Glu Ile Val Lys Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly
 725 730 735
 Ile Tyr Gln Ser Ile Arg Ile Val Asp Glu Ile Ile Arg Lys Met Lys
 740 745 750
 Asp Arg Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr
 755 760 765
 Thr Gln Glu Gly Lys Asn Lys Ser Lys Ala Arg Leu Lys Lys Ile Gln
 770 775 780
 Glu Gly Leu Glu Asn Leu Asp Ser His Val Glu Lys Gln Ala Leu Asp
 785 790 795 800
 Glu Glu Met Leu Lys Ser Pro Lys Tyr Tyr Leu Tyr Cys Leu Gln Asn

805	810	815	
Gly Lys Asp Ile Tyr Thr Gly Lys Asp Leu Asp Ile Gly Gln Leu Gln			
820	825	830	
Thr Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Thr Asp Asn			
835	840	845	
Ser Phe Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Thr Val Asn Arg Gly Lys			
850	855	860	
Leu Asp Asn Val Pro Ser Pro Asp Ile Val Arg Gln Gln Lys Gly Phe			
865	870	875	880
Trp Lys Gln Leu Leu Arg Ala Gly Leu Met Ser Gln Arg Lys Phe Asn			
885	890	895	
Asn Leu Thr Lys Gly Lys Leu Thr Asp Arg Asp Arg Gln Gln Phe Ile			
900	905	910	
Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn			
915	920	925	
Leu Leu Ser His His Leu Asn Glu Lys Lys Glu Val Gly Glu Ile Asn			
930	935	940	
Ile Val Leu Leu Lys Ser Ala Leu Thr Ser Gln Phe Arg Lys Lys Phe			
945	950	955	960
Asp Phe Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp			
965	970	975	
Ala Tyr Leu Asn Gly Val Ile Ala Leu Lys Leu Leu Glu Leu Tyr Pro			
980	985	990	
Tyr Met Ala Lys Asp Leu Ile Tyr Gly Lys Tyr Ser Tyr His Arg Lys			
995	1000	1005	
Gly Asp Lys Ala Thr Gln Ala Lys Tyr Lys Met Ser Asn Ile Ile			
1010	1015	1020	
Glu Arg Phe Ser Gln Asp Leu Leu Ala Asn Pro Asp Gly Glu Ile			
1025	1030	1035	
Ala Trp Glu Lys Asp Lys Asp Leu Asn Thr Ile Arg Lys Val Leu			
1040	1045	1050	

Ser Ser	Lys Gln Ile Asn Ile	Ile Lys Lys Ala Glu	Glu Gly Lys
1055	1060	1065	
Gly Arg	Leu Phe Lys Glu Thr	Ile Asn Ser Arg Pro	Ser Lys Lys
1070	1075	1080	
Thr Glu	Lys Arg Ile Pro Ile	Lys Asn Asn Leu Asp	Pro Asn Ile
1085	1090	1095	
Tyr Gly	Gly Tyr Ile Glu Glu	Lys Met Ala Tyr Tyr	Ile Ala Ile
1100	1105	1110	
Asn Tyr	Leu Glu Asn Gly Lys	Thr Lys Lys Ala Ile	Val Gly Ile
1115	1120	1125	
Ser Ile	Lys Asp Lys Lys Asp	Phe Glu Gly Gln Thr	Thr Glu Tyr
1130	1135	1140	
Leu Gly	Lys Ile Gly Phe Asn	Lys Ala Ser Ile Ile	Asn Ser Phe
1145	1150	1155	
Lys Asn	Tyr Thr Leu Phe Glu	Leu Glu Asn Gly Ser	Arg Arg Met
1160	1165	1170	
Ile Val	Gly Lys Gly Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Tyr Leu
1175	1180	1185	
Pro Gln	Asn Leu Leu Glu Phe	Val Tyr His Leu Lys	His Tyr Asn
1190	1195	1200	
Glu Asp	Glu Thr Ser His Lys	Phe Ile Val Glu His	Lys Ala Tyr
1205	1210	1215	
Phe Asp	Glu Leu Leu Asn Tyr	Ile Val Glu Phe Ala	Asn Lys Tyr
1220	1225	1230	
Leu Glu	Leu Glu Asn Ser Ile	Glu Lys Ile Lys Asp	Leu Tyr His
1235	1240	1245	
Gly Lys	Gly Pro Asp Val Glu	Glu Lys Glu Leu Val	Glu Ser Phe
1250	1255	1260	
Ile Asn	Leu Leu Ala Ile Thr	Lys Cys Gly Pro Ala	Ala Asp Ile
1265	1270	1275	
Thr Phe	Leu Gly Glu Lys Ile	Ser Arg Lys Arg Tyr	Arg Ser Thr

1280 1285 1290
 Asn Cys Leu Trp Gly Ser Glu Val Ile Phe Gln Ser Pro Thr Gly
 1295 1300 1305
 Leu Tyr Glu Thr Arg Leu Arg Leu Glu
 1310 1315
 <210> 210
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide

 <400> 210
 Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60

 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

 His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

	165	170	175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
	180	185	190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys			
	195	200	205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
	210	215	220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
	245	250	255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
	260	265	270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
	275	280	285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
	290	295	300
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
	355	360	365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
	370	375	380
Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly			
	405	410	415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

660	665	670
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn		
675	680	685
Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu		
690	695	700
Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu		
705	710	715
His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu		
725	730	735
Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His		
740	745	750
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
755	760	765
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu		
770	775	780
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu		
785	790	795
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn		
805	810	815
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser		
820	825	830
Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp		
835	840	845
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys		
850	855	860
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
865	870	875
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
885	890	895
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala		
900	905	910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960

 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020

 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080

 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala
 1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys
 1130 1135 1140

 Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile

1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1310	1315	1320
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1325	1330	1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1340	1345	1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp		
1355		
<210>	211	
<211>	1327	
<212>	PRT	

<213> Dolosigranulum pigrum

<400> 211

Met Gln Lys Asn Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Lys Asp Asp Tyr Thr Leu Ile Arg Lys Arg Met

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Ile Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Glu Thr Ala Lys Glu Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Gly Thr Arg Arg Arg Tyr Gln Arg Arg Arg Asn Arg Leu Ile

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Asp Ile Phe Gln Gln Pro Met Leu Ala Ile Asp Glu Asn

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Asp Asp Ser Phe Phe Val Pro Asp Asp Lys Ser

100 105 110

Tyr Asp Arg His Pro Ile Phe Gly Ser Leu Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Asn Pro Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Thr Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

165 170 175

Glu Asn Thr Ser Ile Ser Glu Thr Phe Glu Gln Phe Leu Asp Thr Tyr

180 185 190

Ser Asp Ile Phe Lys Glu Gln Leu Val Gly Asp Ile Ser Lys Val Glu

195 200 205

Glu Ile Leu Ser Ser Lys Gln Ser Arg Ser Arg Lys His Glu Gln Ile

210 215 220

Met Ala Leu Phe Pro Asn Glu Asn Lys Leu Gly Asn Phe Gly Arg Phe

225 230 235 240
 Met Met Leu Ile Val Gly Asn Thr Ser Asn Phe Lys Pro Val Phe Asp
 245 250 255
 Leu Asp Asp Glu Tyr Lys Leu Lys Leu Ser Asp Glu Thr Tyr Glu Glu
 260 265 270

 Asp Leu Asp Thr Leu Leu Gly Met Thr Asp Asp Val Phe Leu Asp Val
 275 280 285
 Phe Met Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Met Ser Ala Ile
 290 295 300
 Ile Ser Thr Asp Thr Gly Asn Ser Lys Ala Val Leu Ser Asn Gln Met
 305 310 315 320
 Ile Asn Phe Tyr Asp Glu His Lys Val Asp Leu Ala Gln Leu Lys Gln
 325 330 335

 Phe Phe Lys Thr His Leu Pro Asp Lys Tyr Tyr Glu Cys Phe Ser Asp
 340 345 350
 Pro Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Asn Gln
 355 360 365
 Glu Asp Phe Tyr Lys Tyr Ile Glu Lys Val Met Lys Thr Ile Lys Ser
 370 375 380
 Asp Lys Lys Asp Tyr Phe Leu Asp Lys Ile Asp Arg Glu Val Phe Leu
 385 390 395 400

 Arg Lys Gln Arg Ser Phe Tyr Asn Ser Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Gln Glu Met Gln Ala Ile Leu Asp Arg Gln Ser Gln Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Ala Glu Asn Arg Asp Lys Ile Glu Ser Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Thr Val Ser Asp Gln Ser Glu Phe
 450 455 460

 Ala Trp Met Glu Arg Gln Ser Asp Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Phe
 465 470 475 480

Asp Glu Ile Val Asn Lys Glu Arg Ser Ala Glu Lys Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Thr Asn Met Asp Thr Tyr Leu Leu Glu Glu Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 Arg Ser Leu Leu Tyr Gln Thr Phe Glu Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525

 Val Arg Tyr Thr Asn Glu Gln Gly Lys Thr Glu Lys Leu Asn Arg Gln
 530 535 540
 Gln Lys Ala Glu Ile Ile Glu Thr Leu Phe Lys Gln Lys Asn Arg Val
 545 550 555 560
 Arg Glu Lys Asp Ile Ala Asn Tyr Leu Glu Gln Tyr Gly Tyr Val Asp
 565 570 575
 Gly Thr Asp Ile Lys Gly Val Glu Asp Lys Phe Asn Ala Ser Leu Ser
 580 585 590

 Thr Tyr Asn Asp Leu Ala Lys Ile Asp Gly Ala Lys Ala Tyr Leu Asp
 595 600 605
 Asp Pro Glu Tyr Ala Asp Val Trp Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu Thr
 610 615 620
 Ile Phe Glu Asp Lys Ala Met Arg Lys Lys Gln Leu Gln Thr Tyr Ser
 625 630 635 640
 Asp Thr Leu Ser Pro Glu Ile Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His Tyr
 645 650 655

 Thr Gly Trp Gly Arg Phe Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Leu Arg Asp
 660 665 670
 Glu Gly Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Lys Asp Glu Gly Ser
 675 680 685
 Ser Gly Pro Thr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Arg Asp Asn Thr
 690 695 700
 Leu Ser Phe Lys Lys Lys Ile Glu Asp Ala Gln Thr Ile Glu Asp Thr
 705 710 715 720

 Thr His Ile Tyr Asp Thr Val Ala Glu Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile

725	730	735
Lys Lys Gly Ile Arg Gln Ala Leu Lys Ile Val Glu Glu Ile Ile Asp		
740	745	750
Ile Ile Gly Tyr Glu Pro Glu Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu		
755	760	765
Ser Gln Thr Thr Lys Lys Gly Lys Asp Leu Ser Lys Glu Arg Leu Glu		
770	775	780
Lys Leu Thr Glu Ala Ile Lys Glu Phe Asp Gly Val Lys Val Lys Asp		
785	790	795
800		
Leu Lys Asn Glu Asn Leu Arg Asn Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu		
805	810	815
Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Asn Glu Pro Leu Asp Ile Asn Asn		
820	825	830
Leu Ser Lys Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Thr Thr		
835	840	845
Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Arg Thr Lys Asn Gln		
850	855	860
Gly Asn Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Ile Asn Ile Val His Lys Met		
865	870	875
880		
Lys Pro Phe Trp Arg Gln Leu His Lys Ala Gly Leu Ile Ser Asp Arg		
885	890	895
Lys Phe Lys Asn Leu Thr Lys Ala Glu His Gly Gly Leu Thr Glu Ala		
900	905	910
Asp Arg Ala His Phe Leu Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
915	920	925
Thr Lys His Val Ala Asn Leu Leu Asp Ser Gln Tyr Asn Thr Ala Glu		
930	935	940
Glu Gln Arg Ile Asn Ile Val Leu Leu Lys Ser Ser Met Thr Ser Arg		
945	950	955
960		
Phe Arg Lys Glu Phe Lys Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Tyr		
965	970	975

His His Gly His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Thr Thr Ile			
980	985	990	
Met Lys Val Tyr Pro Asn Leu Lys Pro Gln Phe Val Tyr Gly Gln Tyr			
995	1000	1005	
Lys Lys Thr Ser Met Phe Lys Glu Glu Lys Ala Thr Ala Arg Lys			
1010	1015	1020	
His Phe Tyr Ser Asn Ile Thr Lys Phe Phe Lys Lys Glu Lys Val			
1025	1030	1035	
Val Asn Glu Glu Thr Gly Glu Ile Leu Trp Asp Thr Glu Arg His			
1040	1045	1050	
Leu Ser Thr Ile Lys Arg Val Leu Ser Trp Lys Gln Met Asn Ile			
1055	1060	1065	
Val Lys Lys Val Glu Lys Gln Lys Gly Gln Leu Trp Lys Glu Thr			
1070	1075	1080	
Ile Tyr Pro Lys Gly Asp Ser Ser Lys Leu Ile Pro Val Lys Glu			
1085	1090	1095	
Gly Met Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Leu Ser Gln Val Ser Glu			
1100	1105	1110	
Ala Phe Ala Val Val Ile Thr His Glu Lys Gly Lys Lys Lys Gln			
1115	1120	1125	
Leu Lys Ser Asp Leu Ile Ser Ile Pro Ile Val Asp Gln Lys Ala			
1130	1135	1140	
Tyr Glu Gln His Pro Thr Ala Tyr Leu Glu Glu Ala Gly Tyr Asn			
1145	1150	1155	
Asn Pro Thr Val Leu His Glu Leu Phe Lys Tyr Gln Leu Phe Glu			
1160	1165	1170	
Leu Glu Asp Gly Ser Arg Arg Met Ile Ala Ser Ala Lys Glu Phe			
1175	1180	1185	
Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Leu Glu Leu Val Glu Leu			
1190	1195	1200	
Leu Tyr His Ala Asn Arg Tyr Asp Lys Val Lys Phe Pro Asp Ser			

1205	1210	1215
Ile Glu Tyr Val His Asp Asn	Leu Ala Lys Phe Asp	Asp Leu Leu
1220	1225	1230
Glu Tyr Val Ile Asp Phe Ser	Asn Lys Tyr Ile Asn	Ala Asp Lys
1235	1240	1245
Asn Val Gln Lys Ile Gln Lys	Ile Tyr Lys Glu His	Gly Thr Glu
1250	1255	1260
Asp Val Glu Leu Thr Val Glu	Ser Phe Val Asn Leu	Met Thr Phe
1265	1270	1275
Thr Ala Met Gly Ala Pro Ala	Thr Phe Lys Phe Tyr	Gly Glu Ser
1280	1285	1290
Ile Thr Arg Ser Arg Tyr Thr	Ser Ile Thr Glu Phe	Arg Gly Ser
1295	1300	1305
Thr Leu Ile Phe Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Thr Arg Tyr
1310	1315	1320
Lys Leu Glu Asp		
1325		
<210>	212	
<211>	1329	
<212>	PRT	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	Synthetic Polypeptide	
<400>	212	
Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1 5 10 15		
Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met		
20 25 30		
Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp		
35 40 45		
Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu		
50 55 60		

Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
565 570 575

Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
580 585 590

Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
595 600 605

Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
625 630 635 640

Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Gly Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750

Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
770 775 780

Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
785 790 795 800

Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu

805										810					815									
Tyr	Tyr	Met	Gln	Asn	Gly	Lys	Asp	Met	Tyr	Thr	Gly	Asp	Glu	Leu	Ser									
820										825					830									
Leu	His	Arg	Leu	Ser	His	Tyr	Asp	Ile	Asp	His	Ile	Ile	Pro	Gln	Ser									
835										840					845									
Phe	Met	Lys	Asp	Asp	Ser	Leu	Asp	Asn	Leu	Val	Leu	Val	Gly	Ser	Thr									
850										855					860									
Glu	Asn	Arg	Gly	Lys	Ser	Asp	Asp	Val	Pro	Ser	Lys	Glu	Val	Val	Lys									
865										870					875					880				
Asp	Met	Lys	Ala	Tyr	Trp	Glu	Lys	Leu	Tyr	Ala	Ala	Gly	Leu	Ile	Ser									
885										890					895									
Gln	Arg	Lys	Phe	Gln	Arg	Leu	Thr	Lys	Gly	Glu	Gln	Gly	Gly	Leu	Thr									
900										905					910									
Leu	Glu	Asp	Lys	Ala	His	Phe	Ile	Gln	Arg	Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Arg									
915										920					925									
Gln	Ile	Thr	Lys	Asn	Val	Ala	Gly	Ile	Leu	Asp	Gln	Arg	Tyr	Asn	Ala									
930										935					940									
Asn	Ser	Lys	Glu	Lys	Lys	Val	Gln	Ile	Ile	Thr	Leu	Lys	Ala	Ser	Leu									
945										950					955					960				
Thr	Ser	Gln	Phe	Arg	Ser	Ile	Phe	Gly	Leu	Tyr	Lys	Val	Arg	Glu	Val									
965										970					975									
Asn	Asp	Tyr	His	His	Gly	Gln	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Cys	Val	Val	Ala									
980										985					990									
Thr	Thr	Leu	Leu	Lys	Val	Tyr	Pro	Asn	Leu	Ala	Pro	Glu	Phe	Val	Tyr									
995										1000					1005									
Gly	Glu	Tyr	Pro	Lys	Phe	Gln	Thr	Phe	Lys	Glu	Asn	Lys	Ala	Thr										
1010										1015					1020									
Ala	Lys	Ala	Ile	Ile	Tyr	Thr	Asn	Leu	Leu	Arg	Phe	Phe	Thr	Glu										
1025										1030					1035									
Asp	Glu	Pro	Arg	Phe	Thr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ile	Leu	Trp	Ser	Asn										
1040										1045					1050									

Ser Tyr	Leu Lys Thr	Ile Lys	Lys Glu Leu	Asn Tyr	His Gln Met
1055		1060		1065	
Asn Ile	Val Lys Lys Val	Glu Val	Gln Lys Gly Gly	Phe Ser Lys	
1070		1075		1080	
Glu Ser	Ile Lys Pro Lys	Gly Pro	Ser Asn Lys Leu	Ile Pro Val	
1085		1090		1095	
Lys Asn	Gly Leu Asp Pro	Gln Lys Tyr	Gly Gly Phe	Asp Ser Pro	
1100		1105		1110	
Ile Val	Ala Tyr Thr Val	Leu Phe Thr	His Glu Lys	Gly Lys Lys	
1115		1120		1125	
Pro Leu	Ile Lys Gln Glu Ile	Leu Gly Ile Thr	Ile Met Glu Lys		
1130		1135		1140	
Thr Arg	Phe Glu Gln Asn Pro	Ile Leu Phe Leu	Glu Glu Lys Gly		
1145		1150		1155	
Phe Leu	Arg Pro Arg Val Leu	Met Lys Leu Pro	Lys Tyr Thr Leu		
1160		1165		1170	
Tyr Glu	Phe Pro Glu Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Lys		
1175		1180		1185	
Glu Ala	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Val Leu Pro Glu	His Leu Leu		
1190		1195		1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Cys Leu Leu Pro	Asn Gln Ser		
1205		1210		1215	
Glu Ser	Leu Ala Tyr Val Glu	Gln His Gln Pro Glu	Phe Gln Glu		
1220		1225		1230	
Ile Leu	Glu Arg Val Val Asp	Phe Ala Glu Val His	Thr Leu Ala		
1235		1240		1245	
Lys Ser	Lys Val Gln Gln Ile	Val Lys Leu Phe Glu	Ala Asn Gln		
1250		1255		1260	
Thr Ala	Asp Val Lys Glu Ile	Ala Ala Ser Phe Ile	Gln Leu Met		
1265		1270		1275	
Gln Phe	Asn Ala Met Gly Ala	Pro Ser Thr Phe Lys	Phe Phe Gln		

1280 1285 1290
 Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe
 1295 1300 1305
 Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
 1310 1315 1320

 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325
 <210> 213
 <211> 1280
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 213
 Met Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu Lys
 1 5 10 15
 Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg Tyr
 20 25 30
 Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Asp Leu Asp Glu Asn Phe
 35 40 45

 Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys Trp
 50 55 60
 His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr His
 65 70 75 80
 Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp Ser
 85 90 95
 Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Ile
 100 105 110

 Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr Glu
 115 120 125
 Asn Thr Ser Val Lys Asp Gln Phe Gln Gln Phe Met Val Ile Tyr Asn
 130 135 140
 Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu Ile

145 150 155 160
 Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu Lys
 165 170 175

 Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly Gln
 180 185 190
 Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val Phe
 195 200 205
 Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr Glu
 210 215 220
 Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser Asp
 225 230 235 240

 Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser Thr
 245 250 255
 Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser Ser
 260 265 270
 Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe Lys
 275 280 285
 Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe Lys
 290 295 300

 Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val Ser
 305 310 315 320
 Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile Ala
 325 330 335
 Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu Arg
 340 345 350
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu
 355 360 365

 Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro Phe
 370 375 380
 Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg Ile
 385 390 395 400

Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe Ala
405 410 415

Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu Gln
420 425 430

Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg Met
435 440 445

Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys His
450 455 460

Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys Ile
465 470 475 480

Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys Glu
485 490 495

Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val Lys
500 505 510

Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu Ile
515 520 525

Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe Ser
530 535 540

Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu Asp
545 550 555 560

His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu Thr
565 570 575

Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe Lys
580 585 590

Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His Tyr
595 600 605

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr Asp
610 615 620

Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Val Asp Asp Gly Val
625 630 635 640

Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Gln

645	650	655
Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His Glu		
660	665	670
Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile		
675	680	685
Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ala		
690	695	700
Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu		
705	710	715
Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu Lys		
725	730	735
Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys Glu		
740	745	750
Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu Tyr		
755	760	765
Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser Leu		
770	775	780
His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe		
785	790	795
Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr Glu		
805	810	815
Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys Asp		
820	825	830
Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser Gln		
835	840	845
Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr Leu		
850	855	860
Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln		
865	870	875
Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala Lys		
885	890	895

Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu Thr
900 905 910

Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn
915 920 925

Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala Thr
930 935 940

Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly
945 950 955 960

Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys
965 970 975

Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu Asp Glu Pro
980 985 990

Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn Ser Tyr Leu Lys
995 1000 1005

Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met Asn Ile Val Lys
1010 1015 1020

Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Lys
1025 1030 1035

Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val Lys Asn Gly Leu
1040 1045 1050

Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Val Val Ala Tyr
1055 1060 1065

Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys Pro Leu Ile Lys
1070 1075 1080

Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys Thr Arg Phe Glu
1085 1090 1095

Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly Phe Leu Arg Pro
1100 1105 1110

Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr Glu Phe Pro
1115 1120 1125

Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys Glu Ala Gln Lys

1130 1135 1140
Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu His Leu Leu Thr Leu Leu Tyr

1145 1150 1155
His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser Glu Ser Leu Ala

1160 1165 1170
Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu Ile Leu Glu Arg

1175 1180 1185

Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala Lys Ser Lys Val

1190 1195 1200

Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln Thr Ala Asp Val

1205 1210 1215

Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met Gln Phe Asn Ala

1220 1225 1230

Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln Lys Asp Ile Glu

1235 1240 1245

Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe Asp Ala Thr Ile

1250 1255 1260

Ile Tyr Gln Ser Pro Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Arg Lys Val

1265 1270 1275

Val Asp

1280

<210> 214

<211> 1072

<212> PRT

<213> Enterococcus durans

<400> 214

Met Asp Glu Glu Ala Lys Ile Gln Leu Ser Lys Glu Ser Tyr Glu Glu

1 5 10 15

Glu Leu Glu Ser Leu Leu Glu Lys Ser Gly Glu Glu Phe Arg Asp Val

20 25 30

Phe Leu Gln Ala Lys Lys Val Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

35 40 45

Leu Ser Thr Lys Lys Gln Asn Ser Lys Ala Lys Leu Ser Leu Gly Met
 50 55 60
 Ile Glu Arg Tyr Asp Ser His Lys Lys Asp Leu Glu Glu Leu Lys Gln
 65 70 75 80
 Phe Val Lys Ala Asn Leu Pro Glu Lys Thr Ala Ile Phe Phe Lys Asp
 85 90 95
 Ser Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln
 100 105 110
 Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Leu Lys Lys Glu Leu Asn Gly Ile Ala Gly
 115 120 125
 Ser Glu Arg Phe Met Glu Lys Val Asp Gln Glu Asn Phe Leu Leu Lys
 130 135 140
 Gln Arg Thr Thr Ala Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Thr
 145 150 155 160
 Glu Leu Lys Ala Ile Ile Glu Arg Gln Lys Pro Tyr Tyr Pro Ser Leu
 165 170 175
 Glu Glu Ala Arg Asp Lys Met Ile Arg Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 180 185 190
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Gln Gly Glu Glu Thr Ser Ser Phe Ala
 195 200 205
 Trp Leu Glu Arg Lys Thr Pro Glu Lys Val Thr Pro Trp Asn Ala Thr
 210 215 220
 Glu Val Ile Asp Tyr Ser Ala Ser Ala Met Lys Phe Ile Gln Arg Met
 225 230 235 240
 Ile Asn Tyr Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys His
 245 250 255
 Ser Ile Leu Tyr Gln Lys Tyr Thr Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val
 260 265 270
 Ala Tyr Lys Asp Glu Arg Gly Ile Lys His Gln Phe Ser Ser Lys Glu
 275 280 285
 Lys Arg Glu Ile Phe Lys Glu Leu Phe Gln Lys Gln Arg Lys Val Thr

290 295 300
 Val Lys Lys Leu Gln Gln Phe Leu Ser Ala Asn Tyr Asn Ile Glu Asp
 305 310 315 320
 Ala Glu Ile Leu Gly Val Asp Lys Ala Phe Asn Ser Ser Tyr Ala Thr
 325 330 335
 Tyr His Asp Phe Leu Asp Leu Ala Lys Pro Asn Glu Leu Leu Glu Gln

 340 345 350
 Pro Glu Met Asn Ala Met Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile
 355 360 365
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Arg Thr Gln Leu Lys Lys Tyr Gln Ser
 370 375 380
 Val Leu Gly Asp Gly Phe Phe Lys Lys Leu Val Lys Lys His Tyr Thr
 385 390 395 400
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Glu Arg Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

 405 410 415
 Lys Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe Pro
 420 425 430
 Tyr Asn Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu
 435 440 445
 Ser Phe Lys Glu Glu Leu Ala Asn Glu Leu Ala Leu Ala Gly Asn Gln
 450 455 460
 Ser Leu Leu Glu Val Val Glu Ala Leu Leu Gly Ser Pro Ala Ile Lys

 465 470 475 480
 Lys Gly Ile Trp Gln Thr Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Glu Ile
 485 490 495
 Ile Gly Tyr Asn Pro Lys Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 500 505 510
 Gln Arg Thr Asn Arg Ser Lys Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Glu Ala
 515 520 525
 Leu Lys Ser Phe Asp Ser Pro Leu Leu Lys Glu Gln Pro Val Asp Asn

 530 535 540

Gln Ala Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 545 550 555 560
 Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ala Leu Asp Ile Asp Arg Leu Ser Glu
 565 570 575
 Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser
 580 585 590
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu Asn Arg Leu Lys Met

 595 600 605
 Asp Asp Val Pro Asp Gln Lys Val Val Ile Arg Met Arg Arg Tyr Trp
 610 615 620
 Glu Lys Leu Leu Arg Ala Asn Leu Ile Ser Glu Arg Lys Phe Ala Tyr
 625 630 635 640
 Leu Thr Lys Leu Glu Leu Thr Pro Glu Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln
 645 650 655
 Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Ala Ile

 660 665 670
 Leu Asp Gln Tyr Phe Asn Gln Pro Glu Glu Ser Lys Asn Lys Gly Ile
 675 680 685
 Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ser Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Thr
 690 695 700
 Phe Gly Ile Asn Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn His His His Ala His
 705 710 715 720
 Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Ile Ala Leu Leu Lys Lys Tyr

 725 730 735
 Pro Lys Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asn Tyr Thr Lys Phe Asn
 740 745 750
 Leu Ala Thr Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn
 755 760 765
 Ile Leu Arg Phe Phe Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Tyr Asp Glu Asn Gly
 770 775 780
 Glu Ile Phe Trp Asp Lys Ala Arg His Ile Pro Gln Ile Lys Lys Val

785 790 795 800
 Ile Ser Ser His Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Thr
 805 810 815
 Gly Gly Phe Tyr Lys Glu Thr Val Asn Pro Lys Gly Lys Pro Asp Lys
 820 825 830
 Leu Ile Gln Arg Lys Ala Gly Trp Asp Val Ser Lys Tyr Gly Gly Phe
 835 840 845
 Gly Ser Pro Val Val Ala Tyr Ala Val Ala Phe Ile Tyr Glu Lys Gly

 850 855 860
 Lys Ala Arg Lys Lys Ala Lys Ala Ile Glu Gly Ile Thr Ile Met Lys
 865 870 875 880
 Gln Ser Leu Phe Glu Gln Asp Pro Ile Gly Phe Leu Ser Asn Lys Gly
 885 890 895
 Tyr Ser Asn Val Thr Lys Phe Ile Lys Leu Ser Lys Tyr Thr Leu Tyr
 900 905 910
 Glu Leu Glu Asn Gly Arg Arg Arg Met Val Ala Ser Lys Glu Ala Gln

 915 920 925
 Lys Ala Asn Ser Phe Ile Leu Pro Glu Lys Leu Val Thr Leu Leu Tyr
 930 935 940
 His Ala Gln His Tyr Asp Glu Ile Ala His Lys Glu Ser Phe Asp Tyr
 945 950 955 960
 Val Asn Asp His Leu Ser Glu Phe Arg Glu Ile Leu Asp Gln Val Ile
 965 970 975
 Asp Phe Ser Asn Arg Tyr Thr Ile Ala Ala Lys Asn Thr Glu Lys Ile

 980 985 990
 Ala Glu Leu Phe Glu Gln Asn Gln Glu Ser Thr Val Gln Ser Leu Ser
 995 1000 1005
 Gln Ser Phe Ile Asn Leu Met Gln Leu Asn Ala Met Gly Ala Pro
 1010 1015 1020
 Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp Val Ile Ile Pro Arg Lys Arg Tyr
 1025 1030 1035

Pro Ser Leu Thr Glu Ile Trp Glu Ser Thr Ile Ile Tyr Gln Ser

1040 1045 1050

Ile Thr Gly Leu Arg Glu Thr Arg Thr Arg Met Ala Thr Leu Trp

1055 1060 1065

Asp Gly Glu Gln

1070

<210> 215

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 215

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20 25 30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Asp Leu Asp Glu Asn

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys

100 105 110

Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Thr Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Val Ile Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val
 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His

405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu

 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys

 530 535 540
 Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
 565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu

 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
 645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr

660 665 670
 Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Val Asp Asp Gly
 675 680 685
 Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
 690 695 700
 Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
 705 710 715 720
 Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala

725 730 735
 Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
 740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys

785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
 805 810 815
 Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser
 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr

850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Lys Val Val Lys
 865 870 875 880
 Lys Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr

900	905	910	
Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg			
915	920	925	
Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala			
930	935	940	
Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu			
945	950	955	960
Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala			
980	985	990	
Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Ala Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Ala Lys Thr Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Met Arg Phe Phe Thr Glu			
1025	1030	1035	
Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Ser Glu Ile Leu Trp Ser Asn			
1040	1045	1050	
Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met			
1055	1060	1065	
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys			
1070	1075	1080	
Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val			
1085	1090	1095	
Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro			
1100	1105	1110	
Val Val Ala Tyr Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys			
1115	1120	1125	
Pro Leu Ile Lys Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys			
1130	1135	1140	

Thr Arg Phe Glu Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly		
1145	1150	1155
Phe Leu Arg Pro Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu		
1160	1165	1170
Tyr Glu Phe Pro Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys		
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu His Leu Leu		
1190	1195	1200
Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser		
1205	1210	1215
Glu Ser Leu Ala Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu		
1220	1225	1230
Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala		
1235	1240	1245
Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln		
1250	1255	1260
Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met		
1265	1270	1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln		
1280	1285	1290
Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe		
1295	1300	1305
Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr		
1310	1315	1320
Arg Arg Lys Val Val Asp		
1325		
<210> 216		
<211> 1329		
<212> PRT		
<213> Enterococcus faecalis		
<400> 216		

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20 25 30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys

100 105 110

Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr

165 170 175

Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu

195 200 205

Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu

210 215 220

Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly

225 230 235 240

Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val

245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr

 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Asn Phe

 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Thr His Ala Val
 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Asn Thr Phe

 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495

Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
500 505 510

His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525

Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
530 535 540

Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
545 550 555 560

Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
565 570 575

Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
580 585 590

Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
595 600 605

Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
625 630 635 640

Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val

740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu

 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
 785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
 805 810 815
 Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys
 865 870 875 880
 Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr

 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala
 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val

 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala
 980 985 990

Thr	Thr	Leu	Leu	Lys	Val	Tyr	Pro	Asn	Leu	Ala	Pro	Glu	Phe	Val	Tyr
995				1000				1005							
Gly	Glu	Tyr	Pro	Lys	Phe	Gln	Thr	Phe	Lys	Glu	Asn	Lys	Ala	Thr	
1010				1015				1020							
Ala	Lys	Ala	Ile	Ile	Tyr	Thr	Asn	Leu	Leu	Arg	Phe	Phe	Thr	Glu	
1025				1030				1035							
Asp	Glu	Pro	Arg	Phe	Thr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ile	Leu	Trp	Ser	Asn	
1040				1045				1050							
Ser	Tyr	Leu	Lys	Thr	Ile	Lys	Lys	Glu	Leu	Asn	Tyr	His	Gln	Met	
1055				1060				1065							
Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Val	Glu	Val	Gln	Lys	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys	
1070				1075				1080							
Glu	Ser	Ile	Lys	Pro	Lys	Gly	Pro	Ser	Asn	Lys	Leu	Ile	Pro	Val	
1085				1090				1095							
Lys	Asn	Gly	Leu	Asp	Pro	Gln	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	
1100				1105				1110							
Ile	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Leu	Phe	Thr	His	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	
1115				1120				1125							
Pro	Leu	Ile	Lys	Gln	Glu	Ile	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	
1130				1135				1140							
Thr	Arg	Phe	Glu	Gln	Asn	Pro	Ile	Leu	Phe	Leu	Glu	Glu	Lys	Gly	
1145				1150				1155							
Phe	Leu	Arg	Pro	Arg	Val	Leu	Met	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Thr	Leu	
1160				1165				1170							
Tyr	Gln	Phe	Pro	Glu	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Lys	
1175				1180				1185							
Glu	Ala	Gln	Lys	Gly	Asn	Gln	Met	Val	Leu	Pro	Glu	His	Leu	Leu	
1190				1195				1200							
Thr	Leu	Leu	Tyr	His	Ala	Lys	Gln	Cys	Leu	Leu	Pro	Asn	Gln	Ser	
1205				1210				1215							
Glu	Ser	Leu	Ala	Tyr	Val	Glu	Gln	His	Gln	Pro	Glu	Phe	Gln	Glu	

1220 1225 1230
 Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala
 1235 1240 1245
 Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln
 1250 1255 1260
 Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met

1265 1270 1275
 Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln
 1280 1285 1290
 Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe
 1295 1300 1305
 Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
 1310 1315 1320
 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325

<210> 217

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 217

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met
 20 25 30
 Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn
 85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Asn Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe

340 345 350
Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Thr His Ala Val
355 360 365
Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile

370 375 380
Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
385 390 395 400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
405 410 415
Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
420 425 430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg

435 440 445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
450 455 460
Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
465 470 475 480
Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
485 490 495
Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys

500 505 510
His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525
Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
530 535 540
Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
545 550 555 560
Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu

565 570 575
Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
580 585 590

Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
595 600 605

Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe

625 630 635 640

Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Val Asp Asp Gly
675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser

690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750

Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg

755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
770 775 780

Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
785 790 795 800

Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
805 810 815

Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser

820 825 830

Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

835	840	845	
Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr			
850	855	860	
Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys			
865	870	875	880
Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser			
885	890	895	
Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr			
900	905	910	
Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg			
915	920	925	
Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala			
930	935	940	
Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu			
945	950	955	960
Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala			
980	985	990	
Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu			
1025	1030	1035	
Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn			
1040	1045	1050	
Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met			
1055	1060	1065	
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys			
1070	1075	1080	

Glu Ser	Ile Lys Pro Lys Gly	Pro Ser Asn Lys Leu	Ile Pro Val
1085	1090	1095	
Lys Asn	Gly Leu Asp Pro Gln	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1100	1105	1110	
Ile Val	Ala Tyr Thr Val Leu	Phe Thr His Glu Lys	Gly Lys Lys
1115	1120	1125	
Pro Leu	Ile Lys Gln Glu Ile	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Lys
1130	1135	1140	
Thr Arg	Phe Glu Gln Asn Pro	Ile Leu Phe Leu Glu	Glu Lys Gly
1145	1150	1155	
Phe Leu	Arg Pro Arg Val Leu	Met Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu
1160	1165	1170	
Tyr Glu	Phe Pro Glu Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Val Leu Pro Glu	His Leu Leu
1190	1195	1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Cys Leu Leu Pro	Asn Gln Ser
1205	1210	1215	
Glu Ser	Leu Ala Tyr Val Glu	Gln His Gln Pro Glu	Phe Gln Glu
1220	1225	1230	
Ile Leu	Glu Arg Val Val Asp	Phe Ala Glu Val His	Thr Leu Ala
1235	1240	1245	
Lys Ser	Lys Val Gln Gln Ile	Val Lys Leu Phe Glu	Ala Asn Gln
1250	1255	1260	
Thr Ala	Asp Val Lys Glu Ile	Ala Ala Ser Phe Ile	Gln Leu Met
1265	1270	1275	
Gln Phe	Asn Ala Met Gly Ala	Pro Ser Thr Phe Lys	Phe Phe Gln
1280	1285	1290	
Lys Asp	Ile Glu Arg Ala Arg	Tyr Thr Ser Ile Lys	Glu Ile Phe
1295	1300	1305	
Asp Ala	Thr Ile Ile Tyr Gln	Ser Thr Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr

1310 1315 1320
 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325
 <210> 218
 <211> 1329
 <212> PRT
 <213> Enterococcus faecalis
 <400> 218
 Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met
 20 25 30
 Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Asp Leu Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr
 180 185 190

Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly

 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser

 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val

 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro

 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg

435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg

 485 490 495
 Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
 530 535 540
 Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val

 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
 565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu

 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
 660 665 670
 Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Val Asp Asp Gly

 675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750

Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
770 775 780

Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
785 790 795 800

Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
805 810 815

Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
820 825 830

Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser
835 840 845

Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
850 855 860

Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys
865 870 875 880

Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
885 890 895

Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr
900 905 910

Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
915 920 925

Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asn Gln Arg Tyr Asn Ala

930	935	940	
Asn Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu			
945	950	955	960
Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala			
980	985	990	
Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu			
1025	1030	1035	
Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn			
1040	1045	1050	
Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met			
1055	1060	1065	
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys			
1070	1075	1080	
Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val			
1085	1090	1095	
Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro			
1100	1105	1110	
Val Val Ala Tyr Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys			
1115	1120	1125	
Pro Leu Ile Lys Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys			
1130	1135	1140	
Thr Arg Phe Glu Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly			
1145	1150	1155	
Phe Leu Arg Pro Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu			
1160	1165	1170	

Tyr Glu Phe Pro Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys

1175

1180

1185

Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu His Leu Leu

1190

1195

1200

Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser

1205

1210

1215

Glu Ser Leu Ala Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu

1220

1225

1230

Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala

1235

1240

1245

Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln

1250

1255

1260

Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met

1265

1270

1275

Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln

1280

1285

1290

Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe

1295

1300

1305

Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr

1310

1315

1320

Arg Arg Lys Val Val Asp

1325

<210> 219

<211> 1331

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 219

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1

5

10

15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20

25

30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu
 260 265 270
 Ser Tyr Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu

275 280 285
 Tyr Ser Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu
 290 295 300
 Leu Ser Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu
 305 310 315 320
 Ser Ser Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys
 325 330 335
 Asn Phe Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn

 340 345 350
 Leu Phe Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His
 355 360 365
 Ala Val Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln
 370 375 380
 Asp Ile Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn
 385 390 395 400
 Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln

 405 410 415
 Ile His Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr
 420 425 430
 Tyr Pro Phe Leu Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr
 435 440 445
 Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser
 450 455 460
 Thr Phe Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp

 465 470 475 480
 Asn Leu Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile
 485 490 495
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu
 500 505 510
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu
 515 520 525

Thr Lys Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser

530

535

540

Gly Lys Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg

545

550

555

560

Lys Val Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn

565

570

575

Thr Glu Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala

580

585

590

Ser Phe Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala

595

600

605

Glu Leu Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys

610

615

620

Ile Leu Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser

625

630

635

640

Thr Phe Lys Gly Gln Phe Ser Glu Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg

645

650

655

Lys His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly

660

665

670

Ile Tyr Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp

675

680

685

Asp Gly Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn

690

695

700

Asp Ser Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser

705

710

715

720

Glu His Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser

725

730

735

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu

740

745

750

Leu Val Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met

755

760

765

Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln

770 775 780
 Arg Leu Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu

 785 790 795 800
 Leu Lys Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu

 805 810 815
 Phe Leu Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu

 820 825 830
 Leu Ser Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro

 835 840 845
 Gln Ser Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly

 850 855 860
 Ser Thr Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val
 865 870 875 880
 Val Lys Lys Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu

 885 890 895
 Ile Ser Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly

 900 905 910
 Leu Thr Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu

 915 920 925
 Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr
 930 935 940
 Asn Ala Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala
 945 950 955 960
 Ser Leu Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg

 965 970 975
 Glu Val Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val

 980 985 990
 Val Ala Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe

 995 1000 1005
 Val Tyr Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Ala Phe Lys Glu Asn Lys

 1010 1015 1020

Ala Thr	Ala Lys Ala Ile Ile	Tyr Thr Asn Leu Leu	Arg Phe Phe
1025	1030	1035	
Thr Glu	Asp Glu Pro Arg Phe	Thr Lys Asp Gly Glu	Ile Leu Trp
1040	1045	1050	
Ser Asn	Ser Tyr Leu Lys Thr	Ile Lys Lys Glu Leu	Asn Tyr His
1055	1060	1065	
Gln Met	Asn Ile Val Lys Lys	Val Glu Val Gln Lys	Gly Gly Phe
1070	1075	1080	
Ser Lys	Glu Ser Ile Lys Pro	Lys Gly Pro Ser Asn	Lys Leu Ile
1085	1090	1095	
Pro Val	Lys Asn Gly Leu Asp	Pro Gln Lys Tyr Gly	Gly Phe Asp
1100	1105	1110	
Ser Pro	Val Val Ala Tyr Thr	Val Leu Phe Thr His	Glu Lys Gly
1115	1120	1125	
Lys Lys	Pro Leu Ile Lys Gln	Glu Ile Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1130	1135	1140	
Glu Lys	Thr Arg Phe Glu Gln	Asn Pro Ile Leu Phe	Leu Glu Glu
1145	1150	1155	
Lys Gly	Phe Leu Arg Pro Arg	Val Leu Met Lys Leu	Pro Lys Tyr
1160	1165	1170	
Thr Leu	Tyr Glu Phe Pro Glu	Gly Arg Arg Arg Leu	Leu Ala Ser
1175	1180	1185	
Ala Lys	Glu Ala Gln Lys Gly	Asn Gln Met Val Leu	Pro Glu His
1190	1195	1200	
Leu Leu	Thr Leu Leu Tyr His	Ala Lys Gln Cys Leu	Leu Pro Asn
1205	1210	1215	
Gln Ser	Glu Ser Leu Ala Tyr	Val Glu Gln His Gln	Pro Glu Phe
1220	1225	1230	
Gln Glu	Ile Leu Glu Arg Val	Val Asp Phe Ala Glu	Val His Thr
1235	1240	1245	
Leu Ala	Lys Ser Lys Val Gln	Gln Ile Val Lys Leu	Phe Glu Ala

1250 1255 1260
 Asn Gln Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln
 1265 1270 1275
 Leu Met Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe

 1280 1285 1290
 Phe Gln Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu
 1295 1300 1305
 Ile Phe Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr
 1310 1315 1320
 Glu Thr Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325 1330
 <210> 220
 <211> 1329
 <212> PRT
 <213> Enterococcus faecalis
 <400> 220
 Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met
 20 25 30
 Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr

165 170 175

Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu

195 200 205

Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu

210 215 220

Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly

225 230 235 240

Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val

245 250 255

Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr

260 265 270

Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser

275 280 285

Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser

290 295 300

Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser

305 310 315 320

Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe

325 330 335

Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe

340 345 350

Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val

355 360 365

Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile

370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe

 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys

 515 520 525
 Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
 530 535 540
 Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
 565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe

 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
 610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His

 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
 660 665 670
 Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Gly Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
 690 695 700
 Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His

 705 710 715 720
 Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
 725 730 735
 Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
 740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu

 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
 785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
 805 810 815
 Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys

865 870 875 880
 Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr

 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala
 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val

 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala
 980 985 990
 Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu

 1025 1030 1035
 Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn
 1040 1045 1050
 Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met
 1055 1060 1065
 Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys
 1070 1075 1080
 Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val

 1085 1090 1095
 Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro
 1100 1105 1110

Ile Val	Ala Tyr Thr Val Leu	Phe Thr His Glu Lys	Gly Lys Lys
1115	1120	1125	
Pro Leu	Ile Lys Gln Glu Ile	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Lys
1130	1135	1140	
Thr Arg	Phe Glu Gln Asn Pro	Ile Leu Phe Leu Glu	Glu Lys Gly
1145	1150	1155	
Phe Leu	Arg Pro Arg Val Leu	Met Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu
1160	1165	1170	
Tyr Glu	Phe Pro Glu Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Val Leu Pro Glu	His Leu Leu
1190	1195	1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Cys Leu Leu Pro	Asn Gln Ser
1205	1210	1215	
Glu Ser	Leu Ala Tyr Val Glu	Gln His Gln Pro Glu	Phe Gln Glu
1220	1225	1230	
Ile Leu	Glu Arg Val Val Asp	Phe Ala Glu Val His	Thr Leu Ala
1235	1240	1245	
Lys Ser	Lys Val Gln Gln Ile	Val Lys Leu Phe Glu	Ala Asn Gln
1250	1255	1260	
Thr Ala	Asp Val Lys Glu Ile	Ala Ala Ser Phe Ile	Gln Leu Met
1265	1270	1275	
Gln Phe	Asn Ala Met Gly Ala	Pro Ser Thr Phe Lys	Phe Phe Gln
1280	1285	1290	
Lys Asp	Ile Glu Arg Ala Arg	Tyr Thr Ser Ile Lys	Glu Ile Phe
1295	1300	1305	
Asp Ala	Thr Ile Ile Tyr Gln	Ser Thr Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr
1310	1315	1320	
Arg Arg	Lys Val Val Asp		
1325			

<210> 221

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 221

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Ser Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20 25 30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Asp Leu Asp Glu Asn

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys

100 105 110

Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr

165 170 175

Glu Asn Thr Ser Val Lys Asp Gln Phe Gln Gln Phe Met Val Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu

195 200 205

Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu

210 215 220

Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val

 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser

 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Asn Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Thr His Ala Val
 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile

 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg

 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu

465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys

 500 505 510
 His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
 530 535 540
 Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu

 565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe

 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
 660 665 670
 Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
 675 680 685
 Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser

 690 695 700
 Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
 705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
 725 730 735
 Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
 740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
 785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
 805 810 815
 Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser
 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys
 865 870 875 880
 Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr
 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Leu Tyr Asn Ala
 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val

965	970	975
Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala		
980	985	990
Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr		
995	1000	1005
Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr		
1010	1015	1020
Ala Lys Thr Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Met Arg Phe Phe Thr Glu		
1025	1030	1035
Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn		
1040	1045	1050
Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met		
1055	1060	1065
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys		
1070	1075	1080
Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val		
1085	1090	1095
Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1100	1105	1110
Val Val Ala Tyr Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys		
1115	1120	1125
Pro Leu Ile Lys Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys		
1130	1135	1140
Thr Arg Phe Glu Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly		
1145	1150	1155
Phe Leu Arg Pro Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu		
1160	1165	1170
Tyr Glu Phe Pro Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys		
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu His Leu Leu		
1190	1195	1200

Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser
 1205 1210 1215
 Glu Ser Leu Ala Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu
 1220 1225 1230
 Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala
 1235 1240 1245
 Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln

1250 1255 1260
 Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met
 1265 1270 1275
 Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln
 1280 1285 1290
 Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe
 1295 1300 1305
 Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr

1310 1315 1320
 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325

<210> 222

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 222

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met
 20 25 30
 Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe
325 330 335

Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
340 345 350

Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val
355 360 365

Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
370 375 380

Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
385 390 395 400

Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
405 410 415

Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
420 425 430

Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
435 440 445

Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
450 455 460

Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
465 470 475 480

Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
485 490 495

Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
500 505 510

His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525

Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
530 535 540

Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
545 550 555 560

Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu

565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu

 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
 645 650 655
 Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
 660 665 670
 Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Val Asp Asp Gly

 675 680 685
 Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
 690 695 700
 Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
 705 710 715 720
 Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
 725 730 735
 Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val

 740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
 785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu

 805 810 815

Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser
 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys

 865 870 875 880
 Asp Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr
 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala

 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala
 980 985 990
 Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr

 995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Thr Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu
 1025 1030 1035
 Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn
 1040 1045 1050
 Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met

1055	1060	1065
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys		
1070	1075	1080
Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val		
1085	1090	1095
Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1100	1105	1110
Ile Val Ala Tyr Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys		

1115	1120	1125
Pro Leu Ile Lys Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys		
1130	1135	1140
Thr Arg Phe Glu Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly		
1145	1150	1155
Phe Leu Arg Pro Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu		
1160	1165	1170
Tyr Glu Phe Pro Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys		

1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu His Leu Leu		
1190	1195	1200
Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser		
1205	1210	1215
Glu Ser Leu Ala Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu		
1220	1225	1230
Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala		

1235	1240	1245
Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln		
1250	1255	1260
Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met		
1265	1270	1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln		
1280	1285	1290

Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe

1295

1300

1305

Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr

1310

1315

1320

Arg Arg Lys Val Val Asp

1325

<210> 223

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 223

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1

5

10

15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20

25

30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35

40

45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50

55

60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65

70

75

80

Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn

85

90

95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys

100

105

110

Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr

115

120

125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130

135

140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145

150

155

160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ile Ser Val Lys Asp Gln Phe Gln Gln Phe Met Val Ile Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Asn Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val
 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His

405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu

 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys

 530 535 540
 Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
 565 570 575
 Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
 580 585 590
 Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu

 595 600 605
 Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
 610 615 620
 Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
 625 630 635 640
 Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
 645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr

660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly

675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser

690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His

705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala

725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val

740 745 750

Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg

755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu

770 775 780

Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys

785 790 795 800

Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu

805 810 815

Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser

820 825 830

Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

835 840 845

Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr

850 855 860

Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys

865 870 875 880

Lys Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser

885 890 895

Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr

900	905	910	
Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg			
915	920	925	
Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala			
930	935	940	
Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu			
945	950	955	960
Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val			
965	970	975	
Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala			
980	985	990	
Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Ala Phe Lys Glu Asn Lys Ala Met			
1010	1015	1020	
Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu			
1025	1030	1035	
Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn			
1040	1045	1050	
Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met			
1055	1060	1065	
Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys			
1070	1075	1080	
Glu Ser Ile Lys Pro Lys Gly Pro Ser Asn Lys Leu Ile Pro Val			
1085	1090	1095	
Lys Asn Gly Leu Asp Pro Gln Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro			
1100	1105	1110	
Val Val Ala Tyr Thr Val Leu Phe Thr His Glu Lys Gly Lys Lys			
1115	1120	1125	
Pro Leu Ile Lys Gln Glu Ile Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Lys			
1130	1135	1140	

Thr Arg Phe Glu Gln Asn Pro Ile Leu Phe Leu Glu Glu Lys Gly		
1145	1150	1155
Phe Leu Arg Pro Arg Val Leu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu		
1160	1165	1170
Tyr Glu Phe Pro Glu Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser Ala Lys		
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Glu Arg Leu Leu		
1190	1195	1200
Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Cys Leu Leu Pro Asn Gln Ser		
1205	1210	1215
Glu Ser Leu Ala Tyr Val Glu Gln His Gln Pro Glu Phe Gln Glu		
1220	1225	1230
Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala		
1235	1240	1245
Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Ala Asn Gln		
1250	1255	1260
Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met		
1265	1270	1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln		
1280	1285	1290
Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe		
1295	1300	1305
Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr		
1310	1315	1320
Arg Arg Lys Val Val Asp		
1325		
<210> 224		
<211> 1329		
<212> PRT		
<213> Enterococcus faecalis		
<400> 224		

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met

20 25 30

Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys

100 105 110

Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr

165 170 175

Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu

195 200 205

Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu

210 215 220

Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly

225 230 235 240

Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val

245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr

 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Lys Phe

 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe
 340 345 350
 Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val
 355 360 365
 Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile
 370 375 380
 Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu

 385 390 395 400
 Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
 405 410 415
 Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Lys Glu Asn Gln Glu Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg
 435 440 445
 Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe

 450 455 460
 Ala Trp Leu Lys Arg Gln Asn Glu Lys Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
 465 470 475 480
 Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
 485 490 495

Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys
500 505 510

His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525

Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
530 535 540

Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
545 550 555 560

Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu
565 570 575

Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
580 585 590

Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
595 600 605

Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe
625 630 635 640

Lys Gly Gln Phe Ser Ala Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser
690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val

740 745 750
 Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg
 755 760 765
 Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu

 770 775 780
 Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
 785 790 795 800
 Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
 805 810 815
 Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser
 820 825 830
 Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

 835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys
 865 870 875 880
 Lys Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser
 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr

 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala
 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val

 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala
 980 985 990

Thr	Thr	Leu	Leu	Lys	Val	Tyr	Pro	Asn	Leu	Ala	Pro	Glu	Phe	Val	Tyr
995				1000				1005							
Gly	Glu	Tyr	Pro	Lys	Phe	Gln	Ala	Phe	Lys	Glu	Asn	Lys	Ala	Thr	
1010				1015				1020							
Ala	Lys	Ala	Ile	Ile	Tyr	Thr	Asn	Leu	Met	Arg	Phe	Phe	Thr	Glu	
1025				1030				1035							
Val	Glu	Pro	Arg	Phe	Thr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ile	Leu	Trp	Ser	Asn	
1040				1045				1050							
Ser	Tyr	Leu	Lys	Thr	Ile	Lys	Lys	Glu	Leu	Asn	Tyr	His	Gln	Met	
1055				1060				1065							
Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Val	Glu	Val	Gln	Lys	Gly	Gly	Phe	Ser	Lys	
1070				1075				1080							
Glu	Ser	Ile	Lys	Pro	Lys	Gly	Pro	Ser	Asn	Lys	Leu	Ile	Pro	Val	
1085				1090				1095							
Lys	Asn	Gly	Leu	Asp	Pro	Gln	Lys	Tyr	Gly	Gly	Phe	Asp	Ser	Pro	
1100				1105				1110							
Val	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Leu	Phe	Thr	His	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	
1115				1120				1125							
Pro	Leu	Ile	Lys	Gln	Glu	Ile	Leu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	
1130				1135				1140							
Thr	Lys	Phe	Glu	Gln	Asn	Pro	Ile	Leu	Phe	Leu	Glu	Glu	Lys	Gly	
1145				1150				1155							
Phe	Leu	Arg	Pro	Arg	Val	Leu	Met	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Thr	Leu	
1160				1165				1170							
Tyr	Glu	Phe	Pro	Glu	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Lys	
1175				1180				1185							
Glu	Ala	Gln	Lys	Gly	Asn	Gln	Met	Val	Leu	Pro	Glu	His	Leu	Leu	
1190				1195				1200							
Thr	Leu	Leu	Tyr	His	Ala	Lys	Gln	Cys	Leu	Leu	Pro	Asn	Gln	Ser	
1205				1210				1215							
Glu	Ser	Leu	Ala	Tyr	Val	Glu	Gln	His	Gln	Pro	Glu	Phe	Gln	Glu	

1220 1225 1230
 Ile Leu Glu Arg Val Val Asp Phe Ala Glu Val His Thr Leu Ala
 1235 1240 1245
 Lys Ser Lys Val Gln Gln Ile Val Lys Leu Phe Glu Thr Asn Gln
 1250 1255 1260
 Thr Ala Asp Val Lys Glu Ile Ala Ala Ser Phe Ile Gln Leu Met

1265 1270 1275
 Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ser Thr Phe Lys Phe Phe Gln
 1280 1285 1290
 Lys Asp Ile Glu Arg Ala Arg Tyr Thr Ser Ile Lys Glu Ile Phe
 1295 1300 1305
 Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Thr Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
 1310 1315 1320
 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325

<210> 225

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecalis

<400> 225

Met Lys Lys Asp Tyr Val Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Met Thr Glu Asp Tyr Gln Leu Val Lys Lys Lys Met
 20 25 30
 Pro Ile Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Glu Glu Gly His Thr Ala Glu Asp Arg Arg Leu

50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Ser Arg Arg Arg Asn Arg Leu Arg
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Ala Phe Phe Glu Glu Ala Met Thr Ala Leu Asp Glu Asn
 85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Asp Lys Lys
 100 105 110
 Trp His Arg His Pro Ile Phe Ala Lys Leu Glu Asp Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Ser Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ile Ser Val Lys Glu Gln Phe Gln Gln Phe Met Ile Ile Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Phe Val Asn Gly Glu Ser Pro Leu Pro Glu Ser Val Leu
 195 200 205
 Ile Glu Glu Glu Leu Thr Glu Lys Ala Ser Arg Thr Lys Lys Ser Glu
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Gln Phe Pro Gln Glu Lys Ala Asn Gly Leu Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Lys Ala Asp Phe Lys Lys Val
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Ile Thr Tyr Ala Ser Glu Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Gly Ile Leu Ala Lys Val Gly Asp Glu Tyr Ser
 275 280 285
 Asp Val Phe Leu Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Glu Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ile Leu Ala Asp Ser Asp Lys Lys Ser His Ala Lys Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Val Arg Phe Thr Glu His Gln Glu Asp Leu Lys Asn Phe
 325 330 335
 Lys Arg Phe Ile Arg Glu Asn Cys Pro Asp Glu Tyr Asp Asn Leu Phe

340 345 350
Lys Asn Glu Gln Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ala His Ala Val
355 360 365
Ser Gln Leu Lys Phe Tyr Gln Tyr Val Lys Lys Ile Ile Gln Asp Ile

370 375 380
Ala Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Ala Gln Glu Asn Phe Leu
385 390 395 400
Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His
405 410 415
Leu Ala Glu Leu Gln Ala Ile Ile His Arg Gln Ala Ala Tyr Tyr Pro
420 425 430
Phe Leu Lys Glu Asn Gln Lys Lys Ile Glu Gln Leu Val Thr Phe Arg

435 440 445
Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ser Lys Gly Asp Ala Ser Thr Phe
450 455 460
Ala Trp Leu Lys Arg Gln Ser Glu Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu
465 470 475 480
Gln Glu Thr Val Asp Leu Asp Gln Ser Ala Thr Ala Phe Ile Glu Arg
485 490 495
Met Thr Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys

500 505 510
His Ser Leu Leu Tyr Glu Lys Phe Met Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525
Ile Ser Tyr Thr Asp Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asn Phe Ser Gly Lys
530 535 540
Glu Lys Glu Lys Ile Phe Asp Tyr Leu Phe Lys Thr Arg Arg Lys Val
545 550 555 560
Lys Lys Lys Asp Ile Ile Gln Phe Tyr Arg Asn Glu Tyr Asn Thr Glu

565 570 575
Ile Val Thr Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gln Phe Asn Ala Ser Phe
580 585 590

Ser Thr Tyr Gln Asp Leu Leu Lys Cys Gly Leu Thr Arg Ala Glu Leu
595 600 605

Asp His Pro Asp Asn Ala Glu Lys Leu Glu Asp Ile Ile Lys Ile Leu
610 615 620

Thr Ile Phe Glu Asp Arg Gln Arg Ile Arg Thr Gln Leu Ser Thr Phe

625 630 635 640

Lys Gly Gln Phe Ser Glu Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Lys His
645 650 655

Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Leu Ile Asn Gly Ile Tyr
660 665 670

Asp Lys Glu Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly
675 680 685

Val Ser Lys His Tyr Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser

690 695 700

Gln Leu Ser Phe Lys Asn Ala Ile Gln Lys Ala Gln Ser Ser Glu His
705 710 715 720

Glu Glu Thr Leu Ser Glu Thr Val Asn Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala
725 730 735

Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val
740 745 750

Ala Ile Met Gly Tyr Ala Pro Lys Arg Ile Val Val Glu Met Ala Arg

755 760 765

Glu Asn Gln Thr Thr Ser Thr Gly Lys Arg Arg Ser Ile Gln Arg Leu
770 775 780

Lys Ile Val Glu Lys Ala Met Ala Glu Ile Gly Ser Asn Leu Leu Lys
785 790 795 800

Glu Gln Pro Thr Thr Asn Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Leu Phe Leu
805 810 815

Tyr Tyr Met Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Asp Glu Leu Ser

820 825 830

Leu His Arg Leu Ser His Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser

835 840 845
 Phe Met Lys Asp Asp Ser Leu Asp Asn Leu Val Leu Val Gly Ser Thr
 850 855 860
 Glu Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys
 865 870 875 880
 Lys Met Lys Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Ser

 885 890 895
 Gln Arg Lys Phe Gln Arg Leu Thr Lys Gly Glu Gln Gly Gly Leu Thr
 900 905 910
 Leu Glu Asp Lys Ala His Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
 915 920 925
 Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Gly Ile Leu Asp Gln Arg Tyr Asn Ala
 930 935 940
 Lys Ser Lys Glu Lys Lys Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Ser Leu

 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Ser Ile Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val
 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Gly Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala
 980 985 990
 Thr Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Asn Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Pro Lys Phe Gln Ala Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr

 1010 1015 1020
 Ala Lys Ala Ile Ile Tyr Thr Asn Leu Leu Arg Phe Phe Thr Glu
 1025 1030 1035
 Asp Glu Pro Arg Phe Thr Lys Asp Gly Glu Ile Leu Trp Ser Asn
 1040 1045 1050
 Ser Tyr Leu Lys Thr Ile Lys Lys Glu Leu Asn Tyr His Gln Met
 1055 1060 1065
 Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Val Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys

 1070 1075 1080

Glu Ser	Ile Lys Pro Lys Gly	Pro Ser Asn Lys Leu	Ile Pro Val
1085	1090	1095	
Lys Asn	Gly Leu Asp Pro Gln	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1100	1105	1110	
Val Val	Ala Tyr Thr Val Leu	Phe Thr His Glu Lys	Gly Lys Lys
1115	1120	1125	
Pro Leu	Ile Lys Gln Glu Ile	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Lys
1130	1135	1140	
Thr Arg	Phe Glu Gln Asn Pro	Ile Leu Phe Leu Glu	Glu Lys Gly
1145	1150	1155	
Phe Leu	Arg Pro Arg Val Leu	Met Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu
1160	1165	1170	
Tyr Glu	Phe Pro Glu Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Val Leu Pro Glu	His Leu Leu
1190	1195	1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Cys Leu Leu Pro	Asn Gln Ser
1205	1210	1215	
Glu Ser	Leu Ala Tyr Val Glu	Gln His Gln Pro Glu	Phe Gln Glu
1220	1225	1230	
Ile Leu	Glu Arg Val Val Asp	Phe Ala Glu Val His	Thr Leu Ala
1235	1240	1245	
Lys Ser	Lys Val Gln Gln Ile	Val Lys Leu Phe Glu	Ala Asn Gln
1250	1255	1260	
Thr Ala	Asp Val Lys Glu Ile	Ala Ala Ser Phe Ile	Gln Leu Met
1265	1270	1275	
Gln Phe	Asn Ala Met Gly Ala	Pro Ser Thr Phe Lys	Phe Phe Gln
1280	1285	1290	
Lys Asp	Ile Glu Arg Ala Arg	Tyr Thr Ser Ile Lys	Glu Ile Phe
1295	1300	1305	
Asp Ala	Thr Ile Ile Tyr Gln	Ser Thr Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr

1310 1315 1320
 Arg Arg Lys Val Val Asp
 1325
 <210> 226
 <211> 1328
 <212> PRT
 <213> Enterococcus faecium
 <400> 226
 Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys
 100 105 110
 Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr
 115 120 125
 His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr
 180 185 190

Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys
 195 200 205
 Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr
 210 215 220
 Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln

 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu
 260 265 270
 Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp Leu
 275 280 285
 Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu Ile

 290 295 300
 Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly Met
 305 310 315 320
 Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys Arg
 325 330 335
 Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly Asp
 340 345 350
 Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr Gln

 355 360 365
 Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg Gly
 370 375 380
 Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu Thr
 405 410 415
 Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe Leu

 420 425 430
 Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile Pro

435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe Ala
 450 455 460
 Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu Pro
 465 470 475 480
 Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg Met

 485 490 495
 Ile Asn Thr Asp Met Tyr Met Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys Asn
 500 505 510
 Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
 515 520 525
 Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile Glu
 530 535 540
 Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val Thr

 545 550 555 560
 Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys His
 565 570 575
 Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu Asp
 595 600 605
 Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr Val

 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu Ala
 625 630 635 640
 Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe Pro

 675 680 685

His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr Glu
 705 710 715 720
 Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly Ile
 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys Ala
 770 775 780
 Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr
 805 810 815
 Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile His
 820 825 830
 Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Thr
 835 840 845
 Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu Asn
 850 855 860
 Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys Met
 865 870 875 880
 Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys Arg
 885 890 895
 Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr Asn

930 935 940
 Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Leu
 980 985 990
 Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly

995 1000 1005
 Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr Val
 1010 1015 1020
 Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser Asp
 1025 1030 1035
 Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys Ser
 1040 1045 1050
 Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His Met

1055 1060 1065
 Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys
 1070 1075 1080
 Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys Asp Ser Ser Lys Leu Leu Pro Arg
 1085 1090 1095
 Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala Lys Tyr Gly Gly Leu Gly Ser Pro
 1100 1105 1110
 Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala Phe Thr Tyr Glu Lys Gly Lys Ala

1115 1120 1125
 Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu Glu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg
 1130 1135 1140
 Glu Ala Phe Glu Gln Ser Pro Val Leu Phe Leu Lys Asn Lys Gly
 1145 1150 1155
 Tyr Glu Gln Ala Glu Ile Glu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Ala Leu
 1160 1165 1170

Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Val Ala Ser Lys Glu

1175

1180

1185

Ala Gln Lys Ala Asn Ser Phe Leu Leu Pro Glu His Leu Val Thr

1190

1195

1200

Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Tyr Asp Glu Ile Ser His Lys Glu

1205

1210

1215

Ser Phe Asp Tyr Val Asn Glu His His Lys Glu Phe Ser Glu Val

1220

1225

1230

Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe Ala Gly Lys Tyr Thr Leu Ala Glu

1235

1240

1245

Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu Lys Ile Tyr Lys Glu Asn Gln Thr

1250

1255

1260

Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met Gln

1265

1270

1275

Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp Val

1280

1285

1290

Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp Gln

1295

1300

1305

Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg

1310

1315

1320

Ile Arg Met Gly Lys

1325

<210> 227

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 227

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1

5

10

15

Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met

20

25

30

Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Pro Asp Glu Lys Lys
 100 105 110
 Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr
 115 120 125
 His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Gly Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys
 195 200 205
 Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr
 210 215 220
 Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln
 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp

275 280 285
 Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu
 290 295 300
 Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly
 305 310 315 320
 Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys
 325 330 335
 Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly

 340 345 350
 Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr
 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg
 370 375 380
 Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu

 405 410 415
 Ser Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu

 465 470 475 480
 Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Ile Asn Thr Asp Met Tyr Met Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525

Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile

530

535

540

Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val

545

550

555

560

Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys

565

570

575

His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr

580

585

590

Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu

595

600

605

Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr

610

615

620

Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu

625

630

635

640

Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr

645

650

655

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp

660

665

670

Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe

675

680

685

Pro His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser

690

695

700

Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr

705

710

715

720

Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile

725

730

735

Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly

740

745

750

Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu

755

760

765

Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys

770 775 780
 Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu

 785 790 795 800
 Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr
 805 810 815
 Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile
 820 825 830
 His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe
 835 840 845
 Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu

 850 855 860
 Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys
 865 870 875 880
 Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys
 885 890 895
 Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys
 900 905 910
 Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys

 915 920 925
 His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr
 930 935 940
 Asn Asp Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala

 980 985 990
 Leu Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020

Val Lys	Lys Glu Phe Tyr Ser	Asn Ile Met Lys Phe	Phe Glu Ser
1025	1030	1035	
Asp Thr	Pro Val Cys Asp Glu	Asn Gly Glu Ile Phe	Trp Asp Lys
1040	1045	1050	
Ser Lys	Ser Ile Ala Gln Val	Lys Lys Val Ile Asn	His His His
1055	1060	1065	
Met Asn	Ile Val Lys Lys Thr	Glu Ile Gln Lys Gly	Gly Phe Ser
1070	1075	1080	
Lys Glu	Thr Val Glu Pro Lys	Lys Asp Ser Ser Lys	Leu Leu Pro
1085	1090	1095	
Arg Lys	Asn Asn Trp Asp Pro	Ala Lys Tyr Gly Gly	Leu Gly Ser
1100	1105	1110	
Pro Asn	Val Ala Tyr Thr Val	Ala Phe Thr Tyr Glu	Lys Gly Lys
1115	1120	1125	
Ala Arg	Lys Arg Thr Asn Ala	Leu Glu Gly Ile Thr	Ile Met Glu
1130	1135	1140	
Arg Glu	Ala Phe Glu Gln Ser	Pro Val Leu Phe Leu	Lys Asn Lys
1145	1150	1155	
Gly Tyr	Glu Gln Ala Glu Ile	Glu Met Lys Leu Pro	Lys Tyr Ala
1160	1165	1170	
Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg Met Val	Ala Ser Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Ala Asn Ser	Phe Leu Leu Pro Glu	His Leu Val
1190	1195	1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Tyr Asp Glu Ile	Ser His Lys
1205	1210	1215	
Glu Ser	Phe Asp Tyr Val Asn	Glu His His Lys Glu	Phe Ser Glu
1220	1225	1230	
Val Phe	Ala Arg Val Leu Glu	Phe Ala Gly Lys Tyr	Thr Leu Ala
1235	1240	1245	
Glu Lys	Asn Ile Glu Lys Leu	Glu Lys Ile Tyr Lys	Glu Asn Gln

1250 1255 1260
Thr Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met

1265 1270 1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp

1280 1285 1290
Val Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp

1295 1300 1305
Gln Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr

1310 1315 1320
Arg Ile Arg Met Gly Lys

1325

<210> 228

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 228

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met

20 25 30
Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45
Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser

50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu

65 70 75 80
Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His

85 90 95
Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys

100 105 110
Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr

115 120 125

His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

165 170 175

Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys

195 200 205

Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr

210 215 220

Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln

225 230 235 240

Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe

245 250 255

Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu

260 265 270

Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp

275 280 285

Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu

290 295 300

Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly

305 310 315 320

Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys

325 330 335

Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly

340 345 350

Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr

355 360 365

Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg

370 375 380
 Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe

 450 455 460
 Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu
 465 470 475 480
 Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Asn Asn Thr Asp Met Tyr Ile Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys

 515 520 525
 Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile
 530 535 540
 Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys
 565 570 575
 His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr

 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu
 595 600 605
 Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr
 610 615 620

Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu
625 630 635 640
Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr
645 650 655
Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp
660 665 670
Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe
675 680 685
Pro His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser
690 695 700
Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr
705 710 715 720
Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile
725 730 735
Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly
740 745 750
Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu
755 760 765
Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys
770 775 780
Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu
785 790 795 800
Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr
805 810 815
Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile
820 825 830
His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe
835 840 845
Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu
850 855 860
Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys

865 870 875 880
 Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys
 885 890 895
 Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys

 900 905 910
 Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
 915 920 925
 His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr
 930 935 940
 Asn Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile

 965 970 975
 Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala
 980 985 990
 Leu Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Val Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser

 1025 1030 1035
 Asp Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys
 1040 1045 1050
 Ser Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His
 1055 1060 1065
 Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser
 1070 1075 1080
 Lys Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys Asp Ser Ser Lys Leu Leu Pro

 1085 1090 1095
 Arg Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala Lys Tyr Gly Gly Leu Gly Ser
 1100 1105 1110

Pro Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala Phe Thr Tyr Glu Lys Gly Lys		
1115	1120	1125
Ala Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu Glu Gly Ile Thr Ile Met Glu		
1130	1135	1140
Arg Glu Ala Phe Glu Gln Ser Pro Val Leu Phe Leu Lys Asn Lys		
1145	1150	1155
Gly Tyr Glu Gln Ala Glu Ile Glu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Ala		
1160	1165	1170
Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Val Ala Ser Lys		
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Ala Asn Ser Phe Leu Leu Pro Glu His Leu Val		
1190	1195	1200
Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Tyr Asp Glu Ile Ser His Lys		
1205	1210	1215
Glu Ser Phe Asp Tyr Val Asn Glu His His Lys Glu Phe Ser Glu		
1220	1225	1230
Val Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe Ala Gly Lys Tyr Thr Leu Ala		
1235	1240	1245
Glu Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu Lys Ile Tyr Lys Glu Asn Gln		
1250	1255	1260
Thr Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met		
1265	1270	1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp		
1280	1285	1290
Val Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp		
1295	1300	1305
Gln Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr		
1310	1315	1320
Arg Ile Arg Met Gly Lys		
1325		

<210> 229

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 229

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys

100 105 110

Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr

115 120 125

His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

165 170 175

Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys

195 200 205

Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr

210 215 220

Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln
 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp
 275 280 285
 Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu
 290 295 300
 Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly
 305 310 315 320
 Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys
 325 330 335
 Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly
 340 345 350
 Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr
 355 360 365
 Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg
 370 375 380
 Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu

465 470 475 480
 Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Ile Asn Thr Asp Met Tyr Ile Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys

 500 505 510
 Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile
 530 535 540
 Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys

 565 570 575
 His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu
 595 600 605
 Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr
 610 615 620
 Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu

 625 630 635 640
 Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr
 645 650 655
 Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp
 660 665 670
 Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe
 675 680 685
 Pro His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser

 690 695 700
 Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr
 705 710 715 720

Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile
 725 730 735
 Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly
 740 745 750
 Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu
 755 760 765
 Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys
 770 775 780
 Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu
 785 790 795 800
 Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr
 805 810 815
 Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile
 820 825 830
 His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe
 835 840 845
 Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu
 850 855 860
 Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys
 865 870 875 880
 Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys
 885 890 895
 Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys
 900 905 910
 Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
 915 920 925
 His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr
 930 935 940
 Asn Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965	970	975
Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala		
980	985	990
Leu Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr		
995	1000	1005
Gly Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr		
1010	1015	1020
Val Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser		
1025	1030	1035
Asp Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys		
1040	1045	1050
Ser Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His		
1055	1060	1065
Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser		
1070	1075	1080
Lys Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys Asp Ser Ser Lys Leu Leu Pro		
1085	1090	1095
Arg Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala Lys Tyr Gly Gly Leu Gly Ser		
1100	1105	1110
Pro Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala Phe Thr Tyr Glu Lys Gly Lys		
1115	1120	1125
Ala Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu Glu Gly Ile Thr Ile Met Glu		
1130	1135	1140
Arg Glu Ala Phe Glu Gln Ser Pro Val Leu Phe Leu Lys Asn Lys		
1145	1150	1155
Gly Tyr Glu Gln Ala Glu Ile Glu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Ala		
1160	1165	1170
Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Val Ala Ser Lys		
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Lys Ala Asn Ser Phe Leu Leu Pro Glu His Leu Val		
1190	1195	1200

Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Tyr Asp Glu Ile Ser His Lys
 1205 1210 1215
 Glu Ser Phe Asp Tyr Val Asn Glu His His Lys Glu Phe Ser Glu
 1220 1225 1230
 Val Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe Ala Gly Lys Tyr Thr Leu Ala
 1235 1240 1245
 Glu Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu Lys Ile Tyr Lys Glu Asn Gln
 1250 1255 1260
 Thr Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met
 1265 1270 1275
 Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp
 1280 1285 1290
 Val Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp
 1295 1300 1305
 Gln Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
 1310 1315 1320
 Arg Ile Arg Met Gly Lys
 1325
 <210> 230
 <211> 1328
 <212> PRT
 <213> Enterococcus faecium
 <400> 230
 Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu

65 70 75 80
 Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys

 100 105 110
 Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr
 115 120 125
 His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

 165 170 175
 Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys
 195 200 205
 Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr
 210 215 220
 Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln

 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu
 260 265 270
 Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp Leu
 275 280 285
 Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu Ile

 290 295 300
 Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly Met
 305 310 315 320

Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys Arg
325 330 335

Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly Asp
340 345 350

Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr Gln
355 360 365

Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg Gly
370 375 380

Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu Thr
405 410 415

Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe Ala
450 455 460

Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu Pro
465 470 475 480

Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg Met
485 490 495

Ile Asn Thr Asp Met Tyr Ile Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys Asn
500 505 510

Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val
515 520 525

Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile Glu
530 535 540

Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val Thr
545 550 555 560

Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys His

565 570 575
 Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu Asp
 595 600 605
 Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr Val

 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu Ala
 625 630 635 640
 Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe Pro

 675 680 685
 His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr Glu
 705 710 715 720
 Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly Ile

 740 745 750
 Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys Ala
 770 775 780
 Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu Tyr
 785 790 795 800
 Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr

 805 810 815

Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile His
 820 825 830
 Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Thr
 835 840 845
 Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu Asn
 850 855 860
 Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys Met

 865 870 875 880
 Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys Arg
 885 890 895
 Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr Asn

 930 935 940
 Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val
 945 950 955 960
 Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn
 965 970 975
 Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Leu
 980 985 990
 Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly

 995 1000 1005
 Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr Val
 1010 1015 1020
 Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser Asp
 1025 1030 1035
 Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys Ser
 1040 1045 1050
 Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His Met

1055	1060	1065
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Ile Gln Lys Gly Gly	Phe Ser Glu
1070	1075	1080
Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys	Asp Ser Ser Lys Leu	Leu Pro Arg
1085	1090	1095
Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala	Lys Tyr Gly Gly Leu	Gly Ser Pro
1100	1105	1110
Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala	Phe Thr Tyr Glu Lys	Gly Lys Ala

1115	1120	1125
Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu	Glu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1130	1135	1140
Glu Ala Phe Glu Gln Ser Pro	Val Leu Phe Leu Lys	Asn Lys Gly
1145	1150	1155
Tyr Glu Gln Ala Glu Ile Glu	Met Lys Leu Pro Lys	Tyr Ala Leu
1160	1165	1170
Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met Val Ala	Ser Lys Glu

1175	1180	1185
Ala Gln Lys Ala Asn Ser Phe	Leu Leu Pro Glu His	Leu Val Thr
1190	1195	1200
Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln	Tyr Asp Glu Ile Ser	His Lys Glu
1205	1210	1215
Ser Phe Asp Tyr Val Asn Glu	His His Lys Glu Phe	Ser Glu Val
1220	1225	1230
Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe	Ala Gly Lys Tyr Thr	Leu Ala Glu

1235	1240	1245
Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu	Lys Ile Tyr Lys Glu	Asn Gln Thr
1250	1255	1260
Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala	Ser Ser Phe Val Asn	Leu Met Gln
1265	1270	1275
Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro	Ala Asp Phe Lys Phe	Phe Asp Val
1280	1285	1290

Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp Gln

1295 1300 1305

Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg

1310 1315 1320

Ile Arg Met Gly Lys

1325

<210> 231

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 231

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys

100 105 110

Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr

115 120 125

His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys
 195 200 205
 Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr
 210 215 220
 Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln
 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp
 275 280 285
 Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu
 290 295 300
 Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly
 305 310 315 320
 Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys
 325 330 335
 Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly
 340 345 350
 Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr
 355 360 365
 Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg
 370 375 380
 Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
 Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe
 450 455 460
 Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu

 465 470 475 480
 Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg
 485 490 495
 Met Ile Asn Thr Asp Met Tyr Met Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys
 500 505 510
 Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
 515 520 525
 Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile

 530 535 540
 Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val
 545 550 555 560
 Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys
 565 570 575
 His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr
 580 585 590
 Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu

 595 600 605
 Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr
 610 615 620
 Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu
 625 630 635 640
 Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr
 645 650 655

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp

660 665 670

Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe

675 680 685

Pro His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser

690 695 700

Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr

705 710 715 720

Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile

725 730 735

Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly

740 745 750

Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu

755 760 765

Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys

770 775 780

Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu

785 790 795 800

Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr

805 810 815

Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile

820 825 830

His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe

835 840 845

Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu

850 855 860

Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys

865 870 875 880

Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys

885 890 895

Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys

900	905	910	
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys			
915	920	925	
His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr			
930	935	940	
Asn Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu			
945	950	955	960
Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	
Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala			
980	985	990	
Leu Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr			
995	1000	1005	
Gly Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr			
1010	1015	1020	
Val Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser			
1025	1030	1035	
Asp Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys			
1040	1045	1050	
Ser Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His			
1055	1060	1065	
Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser			
1070	1075	1080	
Lys Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys Asp Ser Ser Lys Leu Leu Pro			
1085	1090	1095	
Arg Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala Lys Tyr Gly Gly Leu Gly Ser			
1100	1105	1110	
Pro Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala Phe Thr Tyr Glu Lys Gly Lys			
1115	1120	1125	
Ala Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu Glu Gly Ile Thr Ile Met Glu			
1130	1135	1140	

Arg Glu	Ala Phe Glu Gln Ser	Pro Val Leu Phe Leu	Lys Asn Lys
1145	1150	1155	
Gly Tyr	Glu Gln Ala Glu Ile	Glu Met Lys Leu Pro	Lys Tyr Ala
1160	1165	1170	
Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg Met Val	Ala Ser Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Ala Asn Ser	Phe Leu Leu Pro Glu	His Leu Val
1190	1195	1200	
Thr Leu	Leu Tyr His Ala Lys	Gln Tyr Asp Glu Ile	Ser His Lys
1205	1210	1215	
Glu Ser	Phe Asp Tyr Val Asn	Glu His His Lys Glu	Phe Ser Glu
1220	1225	1230	
Val Phe	Ala Arg Val Leu Glu	Phe Ala Gly Lys Tyr	Thr Leu Ala
1235	1240	1245	
Glu Lys	Asn Ile Glu Lys Leu	Glu Lys Ile Tyr Lys	Glu Asn Gln
1250	1255	1260	
Thr Asp	Asp Leu Ala Lys Leu	Ala Ser Ser Phe Val	Asn Leu Met
1265	1270	1275	
Gln Phe	Asn Ala Met Gly Ala	Pro Ala Asp Phe Lys	Phe Phe Asp
1280	1285	1290	
Val Thr	Ile Pro Arg Lys Arg	Tyr Thr Ser Leu Thr	Glu Ile Trp
1295	1300	1305	
Gln Ser	Thr Ile Ile His Gln	Ser Ile Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr
1310	1315	1320	
Arg Ile	Arg Met Gly Lys		
1325			
<210>	232		
<211>	1329		
<212>	PRT		
<213>	Enterococcus faecium		
<400>	232		

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys

100 105 110

Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr

115 120 125

His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

165 170 175

Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys

195 200 205

Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr

210 215 220

Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln

225 230 235 240

Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe

245 250 255
Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu

260 265 270
Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp

275 280 285
Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu

290 295 300
Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly

305 310 315 320
Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys

325 330 335
Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly

340 345 350
Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr

355 360 365
Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg

370 375 380
Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe

450 455 460
Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu

465 470 475 480
Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg

485 490 495

Met Ile Asn Thr Asp Met Tyr Ile Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys
500 505 510

Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525

Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile
530 535 540

Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val
545 550 555 560

Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys
565 570 575

His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr
580 585 590

Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu
595 600 605

Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr
610 615 620

Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu
625 630 635 640

Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr
645 650 655

Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp
660 665 670

Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe
675 680 685

Pro His His Arg Asn Arg Asn Cys Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser
690 695 700

Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr
705 710 715 720

Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile
725 730 735

Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly

740 745 750
 Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu
 755 760 765
 Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys

 770 775 780
 Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu
 785 790 795 800
 Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr
 805 810 815
 Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile
 820 825 830
 His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe

 835 840 845
 Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu
 850 855 860
 Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys
 865 870 875 880
 Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys
 885 890 895
 Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys

 900 905 910
 Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
 915 920 925
 His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr
 930 935 940
 Asn Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile

 965 970 975
 Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala
 980 985 990

Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Ala	Pro	Glu	Phe	Val	Tyr		
				995					1000					1005			
Gly	Glu	Tyr	Leu	Lys	Phe	Asn	Ala	His	Lys	Ala	Asn	Lys	Ala	Thr			
				1010					1015					1020			
Val	Lys	Lys	Glu	Phe	Tyr	Ser	Asn	Ile	Met	Lys	Phe	Phe	Glu	Ser			
				1025					1030					1035			
Asp	Thr	Pro	Val	Cys	Asp	Glu	Asn	Gly	Glu	Ile	Phe	Trp	Asp	Lys			
				1040					1045					1050			
Ser	Lys	Ser	Ile	Ala	Gln	Val	Lys	Lys	Val	Ile	Asn	His	His	His			
				1055					1060					1065			
Met	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile	Gln	Lys	Gly	Gly	Phe	Ser			
				1070					1075					1080			
Lys	Glu	Thr	Val	Glu	Pro	Lys	Lys	Asp	Ser	Ser	Lys	Leu	Leu	Pro			
				1085					1090					1095			
Arg	Lys	Asn	Asn	Trp	Asp	Pro	Thr	Lys	Tyr	Gly	Gly	Leu	Gly	Ser			
				1100					1105					1110			
Pro	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Ala	Phe	Thr	Tyr	Glu	Lys	Gly	Lys			
				1115					1120					1125			
Ala	Arg	Lys	Arg	Thr	Asn	Ala	Leu	Glu	Gly	Ile	Thr	Ile	Met	Glu			
				1130					1135					1140			
Arg	Glu	Ala	Phe	Glu	Gln	Ser	Pro	Val	Leu	Phe	Leu	Lys	Asn	Lys			
				1145					1150					1155			
Gly	Tyr	Glu	Gln	Ala	Glu	Ile	Glu	Met	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr	Ala			
				1160					1165					1170			
Leu	Phe	Glu	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg	Lys	Arg	Met	Val	Ala	Ser	Lys			
				1175					1180					1185			
Glu	Ala	Gln	Lys	Ala	Asn	Ser	Phe	Leu	Leu	Pro	Glu	His	Leu	Val			
				1190					1195					1200			
Thr	Leu	Leu	Tyr	His	Ala	Lys	Gln	Tyr	Asp	Glu	Ile	Ser	His	Lys			
				1205					1210					1215			
Glu	Ser	Phe	Asp	Tyr	Val	Asn	Glu	His	His	Lys	Glu	Phe	Ser	Glu			

1220 1225 1230
Val Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe Ala Gly Lys Tyr Thr Leu Ala
1235 1240 1245
Glu Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu Lys Ile Tyr Lys Glu Asn Gln
1250 1255 1260
Thr Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met

1265 1270 1275
Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp
1280 1285 1290
Val Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp
1295 1300 1305
Gln Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr
1310 1315 1320
Arg Ile Arg Met Gly Lys
1325

<210> 233

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 233

Met Thr Lys Asp Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Asp Tyr Gln Leu Met Lys Arg Lys Met
20 25 30
Ser Val His Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
35 40 45
Gly Ala Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Phe Arg Arg Thr

50 55 60
Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Lys Tyr Arg Leu Ser
65 70 75 80
Lys Leu Gln Asp Leu Phe Ala Glu Glu Leu Cys Lys Gln Asp Asp Cys
85 90 95

Phe Phe Val Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Glu Lys Gln
 100 105 110
 Tyr Lys Pro Ala Ser Ile Phe Pro Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125
 Tyr Gln Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Glu Lys Glu Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Asp Thr
 165 170 175
 Glu Asn Thr Ser Ile Glu Glu Ser Phe Arg Val Phe Leu Glu Gln Tyr
 180 185 190
 Ser Lys Gln Ser Asp Gln Pro Leu Ile Val His Gln Pro Val Leu Thr
 195 200 205
 Ile Leu Thr Asp Lys Leu Ser Lys Thr Lys Lys Val Glu Glu Ile Leu
 210 215 220
 Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Ile Asn Ser Phe Phe Ala Gln Cys Leu
 225 230 235 240
 Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asn Phe Lys Arg Ile Phe Asp Leu
 245 250 255
 Glu Ala Glu Val Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu Asp
 260 265 270
 Leu Glu Ser Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Leu Asp Ile Phe
 275 280 285
 Leu Gln Ala Lys Lys Val His Asp Ala Ile Leu Leu Ser Glu Ile Ile
 290 295 300
 Ser Ser Thr Val Lys His Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Met Val
 305 310 315 320
 Glu Arg Tyr Glu Arg His Lys Ala Asp Leu Ala Lys Phe Lys Gln Phe
 325 330 335
 Val Lys Glu Asn Val Pro Gln Lys Ala Thr Val Phe Phe Lys Asp Thr

340 345 350
Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Lys Gly Lys Thr Thr Gln Glu
355 360 365
Glu Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Ser Gly Val Val Gly Ser

370 375 380
Glu Pro Phe Leu Glu Lys Ile Asp Gln Glu Thr Phe Leu Leu Lys Gln
385 390 395 400
Arg Thr Tyr Thr Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Ile Glu
405 410 415
Leu Lys Ala Ile Ile Asp Gln Gln Lys Gln His Tyr Pro Phe Leu Glu
420 425 430
Glu Ala Gly Pro Lys Ile Ile Ala Leu Phe Lys Phe Arg Ile Pro Tyr

435 440 445
Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Glu Gln Glu Ala Ser Ser Phe Ala Trp
450 455 460
Ile Glu Arg Lys Thr Ala Glu Lys Ile Asn Pro Trp Asn Phe Ser Glu
465 470 475 480
Val Val Asp Ile Glu Lys Ser Ala Met Arg Phe Ile Gln Arg Met Thr
485 490 495
Lys Gln Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys Asn Ser

500 505 510
Leu Leu Tyr Gln Lys Tyr Met Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser
515 520 525
Tyr Lys Asp Glu Arg Gly Val Lys Gln Tyr Phe Ser Gly Asp Glu Lys
530 535 540
Gln Gln Ile Phe Lys Gln Leu Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Ile Thr
545 550 555 560
Val Lys Lys Leu Gln Asn Phe Leu Tyr Thr His Tyr His Ile Glu Asn

565 570 575
Ala Gln Ile Phe Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Ser Thr
580 585 590

Tyr His Asp Phe Met Lys Leu Ala Lys Thr Asn Glu Trp Leu Glu Gln
 595 600 605
 Pro Glu Met Glu Pro Ile Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Gln Met Ile Lys His Gln Leu Ser Lys Tyr Gln Glu
 625 630 635 640
 Val Phe Gly Glu Lys Leu Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Phe Ser Ala Lys Leu Ile His Gly Ile Arg Asp Arg
 660 665 670
 Lys Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Val Pro
 675 680 685
 Ala Asn Arg Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Glu His Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Thr Val Phe Ser Lys His Lys
 705 710 715 720
 Ser Leu Val Asp Val Ile Gln Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Trp Gln Ser Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Ala Ile
 740 745 750
 Ile Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Lys Thr His Arg Thr Ser Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Asn Gly
 770 775 780
 Leu Lys Gln Ile Gly Ser Thr Leu Leu Lys Glu Gln Pro Thr Asp Asn
 785 790 795 800
 Lys Ala Leu Gln Lys Glu Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Pro Leu Glu Ile Glu Asn Leu His Gln
 820 825 830
 Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser

835	840	845	
Ile Asp Asp Lys Val Leu Val Ala Ser Lys Gln Asn Gln Lys Lys Arg			
850	855	860	
Asp Asp Val Pro Lys Lys Gln Ile Val Asn Glu Gln Arg Ile Phe Trp			
865	870	875	880
Asn Gln Leu Lys Glu Ala Lys Leu Ile Ser Thr Lys Lys Tyr Ala Tyr			
885	890	895	
Leu Thr Lys Ile Glu Leu Thr Pro Glu Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln			
900	905	910	
Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn Ile			
915	920	925	
Leu His Gln Ser Phe Asn Gln Glu Glu Glu Gly Thr Asp Cys Asp Gly			
930	935	940	
Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Thr Leu Thr Ser Gln Phe Arg Gln			
945	950	955	960
Thr Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Pro His His His Ala			
965	970	975	
His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Phe Ile Ala Asn Val Leu Leu Lys Arg			
980	985	990	
Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly Lys Tyr Val Lys Tyr			
995	1000	1005	
Ser Leu Ala Arg Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr			
1010	1015	1020	
Ser Asn Ile Leu Lys Phe Leu Glu Ser Asp Glu Pro Phe Cys Asp			
1025	1030	1035	
Glu Asn Gly Glu Ile Tyr Trp Glu Lys Ser His His Leu Pro Arg			
1040	1045	1050	
Ile Lys Lys Val Leu Ser Ser His Gln Val Asn Val Val Lys Lys			
1055	1060	1065	
Val Glu Gln Gln Lys Gly Gly Phe Tyr Lys Glu Thr Val Asn Ser			
1070	1075	1080	

Lys Glu	Lys Pro Asp	Lys Leu	Ile Glu Arg	Lys Asn	Asn Trp Asp
1085		1090		1095	
Val Thr	Lys Tyr Gly Gly Phe	Gly Ser Pro Val	Ile	Ala Tyr Ala	
1100		1105		1110	
Ile Ala	Phe Val Tyr Ala Lys	Gly Lys Thr Gln Lys	Lys Thr Arg		
1115		1120		1125	
Ala Ile	Glu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Gln Ala Ala	Phe Glu Lys		
1130		1135		1140	
Asp Pro	Thr Thr Phe Leu Lys	Glu Lys Gly Phe Pro	Gln Val Thr		
1145		1150		1155	
Glu Phe	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu Phe Glu	Phe Asp Asn		
1160		1165		1170	
Gly Arg	Arg Arg Phe Leu Ala	Ser Lys Glu Ser Gln	Lys Gly Asn		
1175		1180		1185	
Pro Phe	Ile Leu Ser Asp Gln	Leu Val Thr Leu Leu	Tyr His Ala		
1190		1195		1200	
Gln His	Tyr Asp Lys Ile Thr	Tyr Gln Glu Ser Phe	Asp Tyr Val		
1205		1210		1215	
Asn Thr	His Leu Ser Asp Phe	Ser Ala Ile Leu Thr	Glu Val Leu		
1220		1225		1230	
Ala Phe	Ala Glu Lys Tyr Thr	Leu Ala Asp Lys Asn	Ile Glu Arg		
1235		1240		1245	
Ile Gln	Glu Leu Tyr Glu Glu	Asn Lys Tyr Gly Glu	Thr Ser Met		
1250		1255		1260	
Ile Ala	Gln Ser Phe Leu Gln	Leu Leu Gln Phe Asn	Ala Ile Gly		
1265		1270		1275	
Ala Pro	Ala Asp Phe Lys Phe	Phe Gly Val Thr Ile	Pro Arg Lys		
1280		1285		1290	
Arg Tyr	Thr Ser Leu Thr Glu	Ile Trp Asp Ala Thr	Ile Ile Tyr		
1295		1300		1305	
Gln Ser	Val Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Arg	Met Gly Asp		

1310 1315 1320
 Leu Trp Ala Gly Glu Gln
 1325
 <210> 234
 <211> 1329
 <212> PRT
 <213> Enterococcus faecium
 <400> 234
 Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ser Lys Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Thr Glu Lys Ser Ser Thr Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Ala Arg Arg Ser
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Arg Gln Arg Ile Leu
 65 70 75 80
 Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ala Pro Glu Ile Leu Lys Ile Asp Glu His
 85 90 95
 Phe Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Leu Asp Glu Lys Lys
 100 105 110
 Gln Ser Arg His Pro Val Phe Ala Thr Ile Lys Gln Glu Lys Ser Tyr
 115 120 125
 His Gln Thr Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Ala Leu Ala Asp
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Met Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr
 165 170 175
 Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Thr Phe Arg Gln Phe Leu Ser Thr Tyr
 180 185 190

Asn Gln Gln Phe Ser Glu Ala Asp Lys Leu Asp Glu Ala Val Asp Cys
 195 200 205
 Ser Phe Val Phe Thr Glu Lys Met Ser Lys Thr Lys Lys Ala Glu Thr
 210 215 220
 Leu Leu Lys Tyr Phe Pro His Glu Lys Ser Asn Gly Tyr Leu Ser Gln

 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Asn Val Phe
 245 250 255
 Gly Leu Glu Glu Glu Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asp Leu Glu Glu Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Asp Tyr Ile Asp
 275 280 285
 Leu Phe Val Gln Ala Lys Asn Val Tyr Asp Ala Val Leu Leu Ser Glu

 290 295 300
 Ile Leu Ser Asp Ser Thr Lys Asn Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly
 305 310 315 320
 Met Ile Arg Arg Tyr Asp Ala His Lys Glu Asp Leu Val Leu Leu Lys
 325 330 335
 Arg Phe Val Lys Glu Asn Leu Pro Lys Lys Tyr Arg Ala Phe Phe Gly
 340 345 350
 Asp Asn Ser Val Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly His Ala Thr

 355 360 365
 Gln Glu Asp Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Thr Gly Ile Arg
 370 375 380
 Gly Ser Glu Val Phe Leu Thr Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu
 405 410 415
 Thr Glu Leu Arg Ala Ile Ile Ala Asn Gln Lys Lys His Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Lys Glu Glu Gln Glu Lys Leu Glu Ser Leu Leu Thr Phe Lys Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Lys Gln Glu Asn Ser Pro Phe
450 455 460
Ala Trp Leu Ile Arg Lys Ser Glu Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Leu
465 470 475 480
Pro Glu Ile Val Asp Met Glu Gly Ser Ala Val Arg Phe Ile Glu Arg

485 490 495
Met Ile Asn Thr Asp Met Tyr Met Pro His Asn Lys Val Leu Pro Lys
500 505 510
Asn Ser Leu Leu Tyr Gln Lys Phe Ser Ile Tyr Asn Glu Leu Thr Lys
515 520 525
Val Arg Tyr Gln Asp Glu Arg Gly Gln Met Asn Tyr Phe Ser Ser Ile
530 535 540
Glu Lys Lys Glu Ile Phe His Glu Leu Phe Glu Lys Asn Arg Lys Val

545 550 555 560
Thr Lys Lys Asp Leu Gln Glu Phe Leu Tyr Leu Lys Tyr Asp Ile Lys
565 570 575
His Ala Glu Leu Ser Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Thr
580 585 590
Thr Tyr His Asp Phe Leu Thr Met Ser Glu Asn Lys Gln Trp Leu Glu
595 600 605
Asp Pro Glu Leu Ala Ser Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Thr Leu Thr

610 615 620
Val Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Lys Thr Arg Leu Ser His His Glu
625 630 635 640
Ala Thr Leu Gly Lys His Ile Ile Lys Lys Leu Thr Lys Lys His Tyr
645 650 655
Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Glu Leu Ile Gln Gly Ile Arg Asp
660 665 670
Lys Gln Ser Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe

675 680 685

Pro His His Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp Ser
690 695 700
Leu Ser Phe Lys Lys Glu Ile Lys Lys Ala Gln Met Ile Thr Asp Thr
705 710 715 720
Glu Asn Leu Glu Glu Ile Val Lys Glu Leu Thr Gly Ser Pro Ala Ile
725 730 735
Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Ile Val Gly
740 745 750
Ile Met Gly Tyr Glu Pro Ala Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu
755 760 765
Asn Gln Thr Thr Gly Arg Gly Leu Lys Ser Ser Arg Pro Arg Leu Lys
770 775 780
Ala Leu Glu Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gly Ser Gln Leu Leu Lys Glu
785 790 795 800
Tyr Pro Thr Asp Asn Ser Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr
805 810 815
Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Ile
820 825 830
His Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe
835 840 845
Thr Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu
850 855 860
Asn Arg Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Glu Lys Val Val Lys Lys
865 870 875 880
Met Arg Ser Phe Trp Tyr Asp Leu Tyr Ser Ser Lys Leu Ile Ser Lys
885 890 895
Arg Lys Leu Asp Asn Leu Thr Lys Ile Lys Leu Thr Glu Glu Asp Lys
900 905 910
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
915 920 925
His Val Ala Gly Ile Leu His His Arg Phe Asn Lys Ala Glu Asp Thr

930 935 940
 Asn Glu Pro Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Gln Phe Arg Asn Arg Phe Gly Ile Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Glu Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Ile Ala
 980 985 990
 Leu Ala Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr

995 1000 1005
 Gly Glu Tyr Leu Lys Phe Asn Ala His Lys Ala Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Val Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys Phe Phe Glu Ser
 1025 1030 1035
 Asp Thr Pro Val Cys Asp Glu Asn Gly Glu Ile Phe Trp Asp Lys
 1040 1045 1050
 Ser Lys Ser Ile Ala Gln Val Lys Lys Val Ile Asn His His His

1055 1060 1065
 Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser
 1070 1075 1080
 Lys Glu Thr Val Glu Pro Lys Lys Asp Ser Ser Lys Leu Leu Pro
 1085 1090 1095
 Arg Lys Asn Asn Trp Asp Pro Ala Lys Tyr Gly Gly Leu Gly Ser
 1100 1105 1110
 Pro Asn Val Ala Tyr Thr Val Ala Phe Thr Tyr Glu Lys Gly Lys

1115 1120 1125
 Ala Arg Lys Arg Thr Asn Ala Leu Glu Gly Ile Thr Ile Met Glu
 1130 1135 1140
 Arg Glu Ala Phe Glu Gln Ser Pro Val Leu Phe Leu Lys Asn Lys
 1145 1150 1155
 Gly Tyr Glu Gln Ala Glu Ile Glu Met Lys Leu Pro Lys Tyr Ala
 1160 1165 1170

Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Val Ala Ser Lys

1175 1180 1185

Glu Ala Gln Lys Ala Asn Ser Phe Leu Leu Pro Glu His Leu Val

1190 1195 1200

Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Tyr Asp Glu Ile Ser His Lys

1205 1210 1215

Glu Ser Phe Asp Tyr Val Asn Glu His His Lys Glu Phe Ser Glu

1220 1225 1230

Val Phe Ala Arg Val Leu Glu Phe Ala Gly Lys Tyr Thr Leu Ala

1235 1240 1245

Glu Lys Asn Ile Glu Lys Leu Glu Lys Ile Tyr Lys Glu Asn Gln

1250 1255 1260

Thr Asp Asp Leu Ala Lys Leu Ala Ser Ser Phe Val Asn Leu Met

1265 1270 1275

Gln Phe Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp

1280 1285 1290

Val Thr Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp

1295 1300 1305

Gln Ser Thr Ile Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr

1310 1315 1320

Arg Ile Arg Met Gly Lys

1325

<210> 235

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 235

Met Thr Lys Asp Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Asp Tyr Gln Leu Met Lys Arg Lys Met

20

25

30

Ser Val His Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Ala Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Phe Arg Arg Thr
 50 55 60
 Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Lys Tyr Arg Leu Ser
 65 70 75 80
 Lys Leu Gln Asp Leu Phe Ala Glu Glu Leu Cys Lys Gln Asp Asp Cys
 85 90 95
 Phe Phe Val Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Glu Lys Gln
 100 105 110
 Tyr Lys Pro Ala Ser Ile Phe Pro Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125
 Tyr Gln Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Lys Leu Val Asp
 130 135 140
 Ser Thr Glu Lys Gly Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Asp Thr
 165 170 175
 Glu Asn Thr Ser Ile Glu Glu Ser Phe Arg Val Phe Leu Glu Gln Tyr
 180 185 190
 Gly Lys Gln Ser Asp Gln Pro Leu Ile Val His Gln Pro Val Leu Thr
 195 200 205
 Ile Leu Thr Asp Lys Leu Ser Lys Thr Lys Lys Val Glu Glu Ile Leu
 210 215 220
 Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Ile Asn Ser Phe Phe Ala Gln Cys Leu
 225 230 235 240
 Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asn Phe Lys Arg Ile Phe Asp Leu
 245 250 255
 Glu Ala Glu Val Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu Asp
 260 265 270
 Leu Glu Ser Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Leu Asp Ile Phe

275 280 285
 Leu Gln Ala Lys Lys Val His Asp Ala Ile Leu Leu Ser Glu Ile Ile
 290 295 300
 Ser Ser Thr Val Lys His Thr Gln Ala Lys Leu Ser Ser Gly Met Val
 305 310 315 320
 Glu Arg Tyr Glu Arg His Lys Ala Asp Leu Ala Lys Phe Lys Gln Phe
 325 330 335
 Val Lys Glu Asn Val Pro Gln Lys Ala Thr Val Phe Phe Lys Asp Thr

 340 345 350
 Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Lys Gly Lys Thr Thr Gln Glu
 355 360 365
 Glu Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Ser Gly Val Val Gly Ser
 370 375 380
 Glu Pro Phe Leu Glu Lys Ile Asp Gln Glu Thr Phe Leu Leu Lys Gln
 385 390 395 400
 Arg Thr Tyr Thr Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Ile Glu

 405 410 415
 Leu Lys Ala Ile Ile Asp Gln Gln Lys Gln His Tyr Pro Phe Leu Glu
 420 425 430
 Glu Ala Gly Pro Lys Ile Ile Ala Leu Phe Lys Phe Arg Ile Pro Tyr
 435 440 445
 Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Glu Gln Glu Ala Ser Ser Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ile Glu Arg Lys Thr Ala Glu Lys Ile Asn Pro Trp Asn Phe Ser Glu

 465 470 475 480
 Val Val Asp Ile Glu Lys Ser Ala Met Arg Phe Ile Gln Arg Met Thr
 485 490 495
 Lys Gln Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys Asn Ser
 500 505 510
 Leu Phe Tyr Gln Lys Tyr Met Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser
 515 520 525

Tyr Lys Asp Glu Arg Gly Val Lys Gln Tyr Phe Ser Gly Asp Glu Lys

530

535

540

Gln Gln Ile Phe Lys Gln Leu Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Ile Thr

545

550

555

560

Val Lys Lys Leu Gln Asn Phe Leu Tyr Thr His Tyr His Ile Glu Asn

565

570

575

Ala Gln Ile Phe Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Ser Thr

580

585

590

Tyr His Asp Phe Met Lys Leu Ala Lys Thr Asn Glu Trp Leu Glu Gln

595

600

605

Pro Glu Met Glu Pro Ile Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile

610

615

620

Phe Glu Asp Arg Gln Met Ile Lys His Gln Leu Ser Lys Tyr Gln Glu

625

630

635

640

Val Phe Gly Glu Lys Leu Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys His Tyr Thr

645

650

655

Gly Trp Gly Arg Phe Ser Ala Lys Leu Ile His Gly Ile Arg Asp Arg

660

665

670

Lys Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Val Pro

675

680

685

Ala Asn Arg Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Glu His Leu

690

695

700

Ser Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Thr Val Phe Ser Lys His Lys

705

710

715

720

Ser Leu Val Asp Val Ile Gln Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys

725

730

735

Lys Gly Ile Trp Gln Ser Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Ala Ile

740

745

750

Ile Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn

755

760

765

Gln Lys Thr His Arg Thr Lys Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Asn Gly

770 775 780
 Leu Lys Gln Ile Gly Ser Thr Leu Leu Lys Glu Gln Pro Thr Asp Asn

 785 790 795 800
 Lys Ala Leu Gln Lys Glu Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Pro Leu Glu Ile Glu Asn Leu His Gln
 820 825 830
 Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser
 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ala Ser Lys Gln Asn Gln Lys Lys Arg

 850 855 860
 Asp Asp Val Pro Lys Lys Gln Ile Val Asn Glu Gln Arg Ile Phe Trp
 865 870 875 880
 Asn Gln Leu Lys Glu Ala Lys Leu Ile Ser Pro Lys Lys Tyr Ala Tyr
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ile Glu Leu Thr Pro Glu Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln
 900 905 910
 Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn Ile

 915 920 925
 Leu His Gln Ser Phe Asn Gln Glu Glu Gly Thr Asp Cys Asp Gly
 930 935 940
 Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Thr Leu Thr Ser Gln Phe Arg Gln
 945 950 955 960
 Thr Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Pro His His His Ala
 965 970 975
 His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Phe Ile Ala Asn Val Leu Leu Lys Arg

 980 985 990
 Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly Lys Tyr Val Lys Tyr
 995 1000 1005
 Ser Leu Ala Arg Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr
 1010 1015 1020

Ser Asn Ile Leu Lys Phe Leu	Glu Ser Asp Glu Pro	Phe Cys Asp
1025	1030	1035
Glu Asn Gly Glu Ile Tyr Trp	Glu Lys Ser His His	Leu Pro Arg
1040	1045	1050
Ile Lys Lys Val Leu Ser Ser	His Gln Val Asn Val	Val Lys Lys
1055	1060	1065
Val Glu Gln Gln Lys Gly Gly	Phe Tyr Lys Glu Thr	Val Asn Ser
1070	1075	1080
Lys Glu Lys Pro Asp Lys Leu	Ile Glu Arg Lys Asn	Asn Trp Asp
1085	1090	1095
Val Thr Lys Tyr Gly Gly Phe	Gly Ser Pro Val Ile	Ala Tyr Ala
1100	1105	1110
Ile Ala Phe Val Tyr Ala Lys	Gly Lys Thr Gln Lys	Lys Thr Lys
1115	1120	1125
Ala Ile Glu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Gln Ala Ala	Phe Glu Lys
1130	1135	1140
Asp Pro Thr Thr Phe Leu Lys	Asp Lys Gly Phe Pro	Gln Val Thr
1145	1150	1155
Glu Phe Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu Phe Glu	Phe Asp Asn
1160	1165	1170
Gly Arg Arg Arg Phe Leu Ala	Ser Lys Glu Ser Gln	Lys Gly Asn
1175	1180	1185
Pro Phe Ile Leu Ser Asp Gln	Leu Val Thr Leu Leu	Tyr His Ala
1190	1195	1200
Gln His Tyr Asp Lys Ile Thr	Tyr Gln Glu Ser Phe	Asp Tyr Val
1205	1210	1215
Asn Thr His Leu Ser Asp Phe	Ser Ala Ile Leu Thr	Glu Val Leu
1220	1225	1230
Ala Phe Ala Glu Lys Tyr Thr	Leu Ala Asp Lys Asn	Ile Glu Arg
1235	1240	1245
Ile Gln Glu Leu Tyr Glu Glu	Asn Lys Tyr Gly Glu	Ile Ser Met

1250 1255 1260
 Ile Ala Gln Ser Phe Leu Gln Leu Leu Gln Phe Asn Ala Ile Gly
 1265 1270 1275
 Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Gly Val Thr Ile Pro Arg Lys

1280 1285 1290
 Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp Asp Ala Thr Ile Ile Tyr
 1295 1300 1305
 Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Arg Met Gly Asp
 1310 1315 1320
 Leu Trp Ala Gly Glu Gln
 1325

<210> 236

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 236

Met Thr Lys Asp Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Asp Tyr Gln Leu Met Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Ser Val His Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Ala Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Phe Arg Arg Thr
 50 55 60
 Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Lys Tyr Arg Leu Ser

65 70 75 80
 Lys Leu Gln Asp Leu Phe Ala Glu Glu Leu Cys Lys Gln Asp Asp Cys
 85 90 95
 Phe Phe Val Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Glu Lys Gln
 100 105 110
 Tyr Lys Pro Ala Ser Ile Phe Pro Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr
 115 120 125

Tyr Gln Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Glu Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Asp Thr

165 170 175

Glu Asn Thr Ser Ile Glu Glu Ser Phe Arg Val Phe Leu Glu Gln Tyr

180 185 190

Ser Lys Gln Ser Asp Gln Pro Leu Ile Val His Gln Pro Val Leu Thr

195 200 205

Ile Leu Thr Asp Lys Leu Ser Lys Thr Lys Lys Val Glu Glu Ile Leu

210 215 220

Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Ile Asn Ser Phe Phe Ala Gln Cys Leu

225 230 235 240

Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asn Phe Lys Arg Ile Phe Asp Leu

245 250 255

Glu Ala Glu Val Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu Asp

260 265 270

Leu Glu Ser Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Leu Asp Ile Phe

275 280 285

Leu Gln Ala Lys Lys Val His Asp Ala Ile Leu Leu Ser Glu Ile Ile

290 295 300

Ser Ser Thr Val Lys His Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Met Val

305 310 315 320

Glu Arg Tyr Glu Arg His Lys Ala Asp Leu Ala Lys Phe Lys Gln Phe

325 330 335

Val Lys Glu Asn Val Pro Gln Lys Ala Thr Val Phe Phe Lys Asp Thr

340 345 350

Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Lys Gly Lys Thr Thr Gln Glu

355 360 365

Glu Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Ser Gly Val Val Gly Ser

370 375 380
 Glu Pro Phe Leu Glu Lys Ile Asp Gln Glu Thr Phe Leu Leu Lys Gln

 385 390 395 400
 Arg Thr Tyr Thr Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Ile Glu
 405 410 415
 Leu Lys Ala Ile Ile Asp Gln Gln Lys Gln His Tyr Pro Phe Leu Glu
 420 425 430
 Glu Ala Gly Pro Lys Ile Ile Ala Leu Phe Lys Phe Arg Ile Pro Tyr
 435 440 445
 Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Glu Gln Glu Ala Ser Ser Phe Ala Trp

 450 455 460
 Ile Glu Arg Lys Thr Ala Glu Lys Ile Asn Pro Trp Asn Phe Ser Glu
 465 470 475 480
 Val Val Asp Ile Glu Lys Ser Ala Met Arg Phe Ile Gln Arg Met Thr
 485 490 495
 Lys Gln Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys Asn Ser
 500 505 510
 Leu Leu Tyr Gln Lys Tyr Met Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser

 515 520 525
 Tyr Lys Asp Glu Arg Gly Val Lys Gln Tyr Phe Ser Gly Asp Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Lys Gln Leu Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Ile Thr
 545 550 555 560
 Val Lys Lys Leu Gln Asn Phe Leu Tyr Thr His Tyr His Ile Glu Asn
 565 570 575
 Ala Gln Ile Phe Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Ser Thr

 580 585 590
 Tyr His Asp Phe Met Lys Leu Ala Lys Thr Asn Glu Trp Leu Glu Gln
 595 600 605
 Pro Glu Met Glu Pro Ile Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile
 610 615 620

Phe Glu Asp Arg Gln Met Ile Lys His Gln Leu Ser Lys Tyr Gln Glu
 625 630 635 640
 Val Phe Gly Glu Lys Leu Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys His Tyr Thr

 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Phe Ser Ala Lys Leu Ile His Gly Ile Arg Asp Arg
 660 665 670
 Lys Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Val Pro
 675 680 685
 Ala Asn Arg Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Glu His Leu
 690 695 700
 Ser Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Thr Val Phe Ser Lys His Lys

 705 710 715 720
 Ser Leu Val Asp Val Ile Gln Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys
 725 730 735
 Lys Gly Ile Trp Gln Ser Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Ala Ile
 740 745 750
 Ile Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn
 755 760 765
 Gln Lys Thr His Arg Thr Ser Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Asn Gly

 770 775 780
 Leu Lys Gln Ile Gly Ser Thr Leu Leu Lys Glu Gln Pro Thr Asp Asn
 785 790 795 800
 Lys Ala Leu Gln Lys Glu Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
 805 810 815
 Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Pro Leu Glu Ile Glu Asn Leu His Gln
 820 825 830
 Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser

 835 840 845
 Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ala Ser Lys Gln Asn Gln Lys Lys Arg
 850 855 860
 Asp Asp Val Pro Lys Lys Gln Ile Val Asn Glu Gln Arg Ile Phe Trp

865 870 875 880
 Asn Gln Leu Lys Glu Ala Lys Leu Ile Ser Pro Lys Lys Tyr Ala Tyr
 885 890 895
 Leu Thr Lys Ile Glu Leu Thr Pro Glu Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln

 900 905 910
 Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn Ile
 915 920 925
 Leu His Gln Ser Phe Asn Gln Glu Glu Glu Gly Thr Asp Cys Asp Gly
 930 935 940
 Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Thr Leu Thr Ser Gln Phe Arg Gln
 945 950 955 960
 Thr Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Pro His His His Ala

 965 970 975
 His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Phe Ile Ala Asn Val Leu Leu Lys Arg
 980 985 990
 Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe Val Tyr Gly Lys Tyr Val Lys Tyr
 995 1000 1005
 Ser Leu Ala Arg Glu Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr
 1010 1015 1020
 Ser Asn Ile Leu Lys Phe Leu Glu Ser Asp Glu Pro Phe Cys Asp

 1025 1030 1035
 Glu Asn Gly Glu Ile Tyr Trp Glu Lys Ser His His Leu Pro Arg
 1040 1045 1050
 Ile Lys Lys Val Leu Ser Ser His Gln Val Asn Val Val Lys Lys
 1055 1060 1065
 Val Glu Gln Gln Lys Gly Gly Phe Tyr Lys Glu Thr Val Asn Ser
 1070 1075 1080
 Lys Glu Lys Pro Asp Lys Leu Ile Glu Arg Lys Asn Asn Trp Asp

 1085 1090 1095
 Val Thr Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Ser Pro Val Ile Ala Tyr Ala
 1100 1105 1110

Ile Ala	Phe Val Tyr Ala Lys	Gly Lys Thr Gln Lys	Lys Thr Arg
1115	1120	1125	
Ala Ile	Glu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Gln Ala Ala	Phe Glu Lys
1130	1135	1140	
Asp Pro	Thr Thr Phe Leu Lys	Glu Lys Gly Phe Pro	Gln Val Thr
1145	1150	1155	
Glu Phe	Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu Phe Glu	Phe Asp Asn
1160	1165	1170	
Gly Arg	Arg Arg Phe Leu Ala	Ser Lys Glu Ser Gln	Lys Gly Asn
1175	1180	1185	
Pro Phe	Ile Leu Ser Asp Gln	Leu Val Thr Leu Leu	Tyr His Ala
1190	1195	1200	
Gln His	Tyr Asp Lys Ile Thr	Tyr Gln Glu Ser Phe	Asp Tyr Val
1205	1210	1215	
Asn Thr	His Leu Ser Asp Phe	Ser Ala Ile Leu Thr	Glu Val Leu
1220	1225	1230	
Ala Phe	Ala Glu Lys Tyr Thr	Leu Ala Asp Lys Asn	Ile Glu Arg
1235	1240	1245	
Ile Gln	Glu Leu Tyr Glu Glu	Asn Lys Tyr Gly Glu	Thr Ser Met
1250	1255	1260	
Ile Ala	Gln Ser Phe Leu Gln	Leu Leu Gln Phe Asn	Ala Ile Gly
1265	1270	1275	
Ala Pro	Ala Asp Phe Lys Phe	Phe Gly Val Thr Ile	Pro Arg Lys
1280	1285	1290	
Arg Tyr	Thr Ser Leu Thr Glu	Ile Trp Asp Ala Thr	Ile Ile Tyr
1295	1300	1305	
Gln Ser	Val Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Arg	Met Gly Asp
1310	1315	1320	
Leu Trp	Ala Gly Glu Gln		
1325			

<210> 237

<211> 1329

<212> PRT

<213> Enterococcus faecium

<400> 237

Met Thr Lys Asp Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Asp Tyr Gln Leu Met Lys Arg Lys Met

20 25 30

Ser Val His Gly Asn Thr Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Ala Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Phe Arg Arg Thr

50 55 60

Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Leu Ala Arg Arg Lys Tyr Arg Leu Ser

65 70 75 80

Lys Leu Gln Asp Leu Phe Ala Glu Glu Leu Cys Lys Gln Asp Asp Cys

85 90 95

Phe Phe Val Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Pro Glu Glu Lys Gln

100 105 110

Tyr Lys Pro Ala Ser Ile Phe Pro Thr Leu Glu Glu Glu Lys Glu Tyr

115 120 125

Tyr Gln Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Glu Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Leu Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Asp Leu Asp Thr

165 170 175

Glu Asn Thr Ser Ile Glu Glu Ser Phe Arg Val Phe Leu Glu Gln Tyr

180 185 190

Gly Lys Gln Ser Asp Gln Pro Leu Ile Val His Gln Pro Val Leu Thr

195 200 205

Ile Leu Thr Asp Lys Leu Ser Lys Thr Lys Lys Val Glu Glu Ile Leu

210 215 220

Lys Tyr Tyr Pro Thr Glu Lys Ile Asn Ser Phe Phe Ala Gln Cys Leu
 225 230 235 240
 Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Ala Asn Phe Lys Arg Ile Phe Asp Leu
 245 250 255
 Glu Ala Glu Val Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu Asp
 260 265 270
 Leu Glu Ser Leu Leu Glu Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Leu Asp Ile Phe
 275 280 285
 Leu Gln Ala Lys Lys Val His Asp Ala Ile Leu Leu Ser Glu Ile Ile
 290 295 300
 Ser Ser Thr Val Lys His Thr Gln Ala Lys Leu Ser Ser Gly Met Val
 305 310 315 320
 Glu Arg Tyr Glu Arg His Lys Ala Asp Leu Ala Lys Phe Lys Gln Phe
 325 330 335
 Val Lys Glu Asn Val Pro Gln Lys Ala Thr Val Phe Phe Lys Asp Thr
 340 345 350
 Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Lys Gly Lys Thr Thr Gln Glu
 355 360 365
 Glu Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Glu Leu Ser Gly Val Val Gly Ser
 370 375 380
 Glu Pro Phe Leu Glu Lys Ile Asp Gln Glu Thr Phe Leu Leu Lys Gln
 385 390 395 400
 Arg Thr Tyr Thr Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Ile Glu
 405 410 415
 Leu Lys Ala Ile Ile Asp Gln Gln Lys Gln His Tyr Pro Phe Leu Glu
 420 425 430
 Glu Ala Gly Pro Lys Ile Ile Ala Leu Phe Lys Phe Arg Ile Pro Tyr
 435 440 445
 Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys Glu Gln Glu Ala Ser Ser Phe Ala Trp
 450 455 460
 Ile Glu Arg Lys Thr Ala Glu Lys Ile Asn Pro Trp Asn Phe Ser Glu

465 470 475 480
 Val Val Asp Ile Glu Lys Ser Ala Met Arg Phe Ile Gln Arg Met Thr
 485 490 495
 Lys Gln Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys Asn Ser

 500 505 510
 Leu Leu Tyr Gln Lys Tyr Met Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser
 515 520 525
 Tyr Lys Asp Glu Arg Gly Val Lys Gln Tyr Phe Ser Gly Asp Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Lys Gln Leu Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Ile Thr
 545 550 555 560
 Val Lys Lys Leu Gln Asn Phe Leu Tyr Thr His Tyr His Ile Glu Asn

 565 570 575
 Ala Gln Ile Phe Gly Ile Glu Lys Ala Phe Asn Ala Ser Tyr Ser Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Phe Met Lys Leu Ala Lys Thr Asn Glu Trp Leu Glu Gln
 595 600 605
 Pro Glu Met Glu Pro Ile Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Gln Met Ile Lys His Gln Leu Ser Lys Tyr Gln Glu

 625 630 635 640
 Val Phe Gly Glu Lys Leu Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys His Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Phe Ser Ala Lys Leu Ile His Gly Ile Arg Asp Arg
 660 665 670
 Lys Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Val Pro
 675 680 685
 Ala Asn Arg Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Glu His Leu

 690 695 700
 Ser Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Ala Thr Val Phe Ser Lys His Lys
 705 710 715 720

Ser Leu Val Asp Val Ile Gln Asp Leu Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys
725 730 735
Lys Gly Ile Trp Gln Ser Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Ala Ile
740 745 750
Ile Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn
755 760 765
Gln Lys Thr His Arg Thr Lys Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Asn Gly
770 775 780
Leu Lys Gln Ile Gly Ser Thr Leu Leu Lys Glu Gln Pro Thr Asp Asn
785 790 795 800
Lys Ala Leu Gln Lys Glu Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly
805 810 815
Arg Asp Met Tyr Thr Gly Glu Pro Leu Glu Ile Glu Asn Leu His Gln
820 825 830
Tyr Glu Val Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser
835 840 845
Ile Asp Asn Lys Val Leu Val Ala Ser Lys Gln Asn Gln Lys Lys Arg
850 855 860
Asp Asp Val Pro Asn Lys Gln Ile Val Asn Glu Gln Arg Ile Phe Trp
865 870 875 880
Asn Gln Leu Lys Glu Ala Lys Leu Ile Ser Pro Lys Lys Tyr Ala Tyr
885 890 895
Leu Thr Lys Ile Glu Leu Thr Pro Glu Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln
900 905 910
Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn Ile
915 920 925
Leu His Gln Ser Phe Asn Gln Glu Glu Glu Gly Thr Asp Cys Asp Gly
930 935 940
Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ala Thr Leu Thr Ser Gln Phe Arg Gln
945 950 955 960
Thr Phe Gly Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Pro His His His Ala

965	970	975
His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Phe	Ile Ala Asn Val Leu Leu Lys Arg	
980	985	990
Tyr Pro Lys Leu Ala Pro Glu Phe	Val Tyr Gly Lys Tyr Val Lys Tyr	
995	1000	1005
Ser Leu Ala Arg Glu Asn Lys	Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr	
1010	1015	1020
Ser Asn Ile Leu Lys Phe Leu	Glu Ser Asp Glu Pro Phe Cys Asp	
1025	1030	1035
Glu Asn Gly Glu Ile Tyr Trp	Glu Lys Ser His His Leu Pro Arg	
1040	1045	1050
Ile Lys Lys Val Leu Ser Ser	His Gln Val Asn Val Val Lys Lys	
1055	1060	1065
Val Glu Gln Gln Lys Gly Gly	Phe Tyr Lys Glu Thr Val Asn Ser	
1070	1075	1080
Lys Glu Lys Pro Asp Lys Leu	Ile Glu Arg Lys Asn Asn Trp Asp	
1085	1090	1095
Val Thr Lys Tyr Gly Gly Phe	Gly Ser Pro Val Ile Ala Tyr Ala	
1100	1105	1110
Ile Ala Phe Val Tyr Ala Lys	Gly Lys Thr Gln Lys Lys Thr Arg	
1115	1120	1125
Ala Ile Glu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Gln Ala Ala Phe Glu Lys	
1130	1135	1140
Asp Pro Thr Thr Phe Leu Lys	Asp Lys Gly Phe Pro His Val Thr	
1145	1150	1155
Glu Phe Ile Lys Leu Pro Lys	Tyr Thr Leu Phe Glu Phe Asp Asn	
1160	1165	1170
Gly Arg Arg Arg Phe Leu Ala	Ser Lys Glu Ser Gln Lys Gly Asn	
1175	1180	1185
Pro Phe Ile Leu Ser Asp Gln	Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala	
1190	1195	1200

Gln His Tyr Asp Lys Ile Thr Tyr Gln Glu Ser Phe Asp Tyr Val
1205 1210 1215

Asn Thr His Leu Ser Asp Phe Ser Ala Ile Leu Thr Glu Val Leu
1220 1225 1230

Ala Phe Ala Glu Lys Tyr Thr Leu Ala Asp Lys Asn Ile Glu Arg
1235 1240 1245

Ile Gln Glu Leu Tyr Glu Glu Asn Lys Tyr Gly Glu Ile Ser Met
1250 1255 1260

Ile Ala Gln Ser Phe Leu Gln Leu Leu Gln Phe Asn Ala Ile Gly
1265 1270 1275

Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Gly Val Thr Ile Pro Arg Lys
1280 1285 1290

Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp Asp Ala Thr Ile Ile Tyr
1295 1300 1305

Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Arg Met Gly Asp
1310 1315 1320

Leu Trp Ala Gly Glu Gln
1325

<210> 238

<211> 1324

<212> PRT

<213> *Enterococcus italicus*

<400> 238

Met Lys Asn Asp Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Tyr Ser Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Ile Ser Lys Lys Met
20 25 30

Asn Val Phe Gly Asn Thr Glu Lys Lys Ser Ile Lys Lys Asn Phe Trp
35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Ser Gly Gln Thr Ala Gln Glu Ala Arg Met
50 55 60

Lys Arg Thr Ser Arg Arg Arg Ile Ala Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Gln Pro Glu Met Asn His Leu Asp Asn Asn
 85 90 95
 Phe Phe Tyr Arg Leu Asn Glu Ser Phe Leu Val Ala Asp Asp Ala Lys

 100 105 110
 Tyr Asp Lys His Pro Ile Phe Gly Thr Leu Asp Glu Glu Ile His Phe
 115 120 125
 His Glu Gln Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Tyr Leu Ala Asp
 130 135 140
 Gly Asp Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Ile Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Phe Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

 165 170 175
 Glu Asn Asn Ser Val Ile Glu Leu Ser Lys Val Phe Val Gln Leu Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Thr Leu Ser Glu Leu Glu Phe Ile Asp Glu Ser Ile Asp Phe
 195 200 205
 Ser Glu Val Leu Thr Gln Gln Leu Ser Lys Ser Glu Arg Ala Asp Asn
 210 215 220
 Val Leu Lys Leu Phe Pro Asp Glu Lys Gly Thr Gly Ile Phe Ala Gln

 225 230 235 240
 Phe Ile Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Lys Val Phe
 245 250 255
 Gln Leu Glu Glu Asp Gln Lys Leu Gln Leu Ser Thr Asp Asp Tyr Glu
 260 265 270
 Glu Asn Ile Glu Asn Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Gly Asp
 275 280 285
 Ile Phe Val Ala Ala Gln Asn Leu Tyr Gln Ala Ile Leu Leu Ala Gly

 290 295 300
 Ile Leu Thr Ser Thr Glu Lys Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320

Ile Gln Arg Tyr Glu Glu His Ala Lys Asp Leu Lys Leu Leu Lys Arg
325 330 335

Phe Val Lys Glu His Ile Pro Asp Lys Tyr Ala Glu Ile Phe Asn Asp
340 345 350

Ala Thr Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Lys Glu
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Thr Leu Val Gln Lys Ser Gly
370 375 380

Tyr Gln Tyr Phe Ile Glu Lys Ile Glu Gln Glu Asn Phe Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Ile Tyr Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Ala Glu
405 410 415

Glu Leu Arg Ala Ile Leu Arg Lys Gln Glu Lys Tyr Tyr Ser Phe Leu
420 425 430

Lys Glu Asn His Glu Lys Ile Glu Gln Ile Phe Lys Val Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Lys His Asn Glu Gln Ser Arg Phe Ala
450 455 460

Trp Asn Ile Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Met Asn
465 470 475 480

Asp Val Val Asp Glu Asn Ala Ser Ala Val Ala Phe Ile Glu Arg Met
485 490 495

Thr Ile Lys Asp Ile Tyr Leu Asn Glu Asn Val Leu Pro Arg His Ser
500 505 510

Leu Ile Tyr Glu Lys Phe Thr Val Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Leu
515 520 525

Tyr Ala Asp Asp Arg Gly Val Phe Gln Arg Phe Ser Ala Glu Glu Lys
530 535 540

Glu Asp Ile Phe Glu Lys Leu Phe Lys Ser Glu Arg Lys Val Thr Lys
545 550 555 560

Lys Lys Leu Glu Asn Tyr Leu Arg Ile Glu Leu Ser Ile Ser Ser Pro

565 570 575
 Ser Val Lys Gly Ile Glu Glu Gln Phe Asn Ala Asn Phe Gly Thr Tyr
 580 585 590
 Leu Asp Leu Lys Lys Phe Asp Glu Leu His Pro Tyr Leu Asp Asp Glu
 595 600 605
 Lys Tyr Gln Asp Thr Leu Glu Glu Val Ile Lys Val Leu Thr Val Phe

 610 615 620
 Glu Asp Arg Ser Met Ile Gln Asn Gln Leu Glu Gln Leu Pro Leu Asn
 625 630 635 640
 Leu Ser Thr Lys Thr Ile Lys Ala Leu Ser Arg Arg Lys Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Arg Leu Ile Asp Gly Ile His Asp Lys Asn
 660 665 670
 Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Glu Ser Asp Ser Tyr

 675 680 685
 Ile Val Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp His Leu Ser
 690 695 700
 Phe Lys Lys Ile Ile Glu Asp Ser Gln Pro Tyr Lys Glu Gln Gln Ser
 705 710 715 720
 Ala Glu Glu Ile Val Ser Glu Leu Ser Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ala Ile Met

 740 745 750
 Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln
 755 760 765
 Thr Thr Gly Arg Gly Lys Gln Asn Ser Lys Pro Arg Leu Lys Gly Ile
 770 775 780
 Glu Asn Gly Leu Lys Glu Phe Ser Asp Ser Val Leu Lys Gly Ser Ser
 785 790 795 800
 Ile Asp Asn Lys Gln Leu Gln Asn Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu

 805 810 815

Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly His Glu Leu Asp Ile Asp His
820 825 830

Leu Ser Thr Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Leu Thr
835 840 845

Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Thr Thr Ser Lys Ser Asn Arg
850 855 860

Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Arg Lys Met Asp

865 870 875 880

Arg Phe Trp Arg Lys Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Ser Glu Arg Lys
885 890 895

Tyr Thr Asn Leu Thr Lys Lys Glu Leu Thr Glu Ser Asp Lys Ala Gly
900 905 910

Phe Leu Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
915 920 925

Ala Thr Ile Leu Asp Ser Lys Phe Asn Glu Asp Ser Asn Asn Arg Asp

930 935 940

Val Gln Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser Glu Phe Arg Lys
945 950 955 960

Thr Phe Asn Leu Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asp Leu His His Ala
965 970 975

His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Leu Ser Leu Leu Arg Val
980 985 990

Tyr Pro Gln Leu Lys Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr Gly Lys Asn

995 1000 1005

Ser Ile His Asp Gln Asn Lys Ala Thr Ile Lys Lys Gln Phe Tyr
1010 1015 1020

Ser Asn Ile Thr Arg Tyr Phe Ala Ser Lys Asp Ile Ile Asn Asp
1025 1030 1035

Asp Gly Glu Ile Leu Trp Asn Lys Gln Glu Thr Ile Ala Gln Val
1040 1045 1050

Ile Lys Thr Leu Gly Met His Gln Val Asn Val Val Lys Lys Val

1055	1060	1065
Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe	Ser Lys Glu Ser Ile	Gln Pro Lys
1070	1075	1080
Gly Glu Ser Gln Lys Leu Ile	Arg Arg Lys Gln Gln	Trp Asn Thr
1085	1090	1095
Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Val Val Ala	Tyr Ala Ile
1100	1105	1110
Leu Leu Ser Phe Asp Lys Gly	Lys Arg Lys Ala Arg	Ser Phe Lys

1115	1120	1125
Ile Val Gly Ile Thr Ile Gln	Asp Arg Glu Ser Phe	Glu Gly Asn
1130	1135	1140
Pro Ile Leu Tyr Leu Ser Lys	Lys Asp Tyr His Asn	Pro Lys Val
1145	1150	1155
Glu Ala Ile Leu Pro Lys Tyr	Ser Leu Phe Glu Phe	Glu Asn Gly
1160	1165	1170
Arg Arg Arg Met Val Ala Ser	Ser Glu Thr Gln Lys	Gly Asn Gln

1175	1180	1185
Leu Ile Ile Pro Gly His Leu	Met Glu Leu Leu Tyr	His Ser Lys
1190	1195	1200
Lys Ile Ile Asn Gly Lys Asn	Ser Asp Ser Val Ser	Tyr Ile Gln
1205	1210	1215
Asn Asn Lys Glu Lys Phe Arg	Glu Ile Phe Glu Tyr	Ile Val Asp
1220	1225	1230
Phe Ser Ser Lys Tyr Ile Ser	Ala Asp Ala Asn Leu	Asn Lys Ile

1235	1240	1245
Glu Lys Ile Phe Glu Asn Asn	Phe His Lys Ala Ser	Glu Gln Glu
1250	1255	1260
Ile Ala Lys Ser Phe Ile Asn	Leu Leu Thr Phe Thr	Ala Met Gly
1265	1270	1275
Ala Pro Ala Asp Phe Glu Phe	Phe Gly Glu Lys Ile	Pro Arg Lys
1280	1285	1290

Arg Tyr Val Ser Ile Ser Glu Ile Ile Asp Ala Val Phe Ile His

1295

1300

1305

Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Val Arg Leu Thr Glu

1310

1315

1320

Val

<210> 239

<211> 1323

<212> PRT

<213> Enterococcus mundtii

<400> 239

Met Glu Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Val Ala Arg Lys Met

20 25 30

Ser Ile Gln Gly Asp Ser Asn Arg Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Ala Arg Leu Phe Glu Glu Gly Lys Thr Ala Gln Phe Arg Arg Ile

50 55 60

Lys Arg Thr Asn Arg Arg Arg Ile Ala Arg Arg Arg Gln Arg Val Leu

65 70 75 80

Ala Leu Gln Asp Ile Phe Ala Glu Glu Ile His Lys Lys Asp Pro Asn

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Glu Glu Gly Asp Arg Val Glu Ala Asp Lys Arg

100 105 110

Phe Ala Lys Phe Pro Val Phe Ala Thr Leu Ser Glu Glu Lys Asn Tyr

115 120 125

His Arg Gln Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg His Asp Leu Ala Asn

130 135 140

Ser Lys Glu Gln Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Ile Ala His

145 150 155 160

Cys Leu Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Glu Leu Asp Thr
 165 170 175
 Glu Asn Thr Ser Val Thr Glu Asn Tyr Gln Gln Phe Leu Gln Ala Tyr
 180 185 190
 Gln Gln Phe Phe Pro Glu Pro Ile Gly Asp Leu Asp Asp Ala Val Pro
 195 200 205
 Ile Leu Thr Glu Arg Leu Ser Lys Ala Lys Arg Val Glu Lys Val Leu
 210 215 220

 Ala Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ser Thr Gly Asn Phe Ala Gln Phe Leu
 225 230 235 240
 Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Ala Asn Phe Lys Lys Thr Phe Asp Leu
 245 250 255
 Glu Glu Glu Met Lys Leu Asn Phe Thr Arg Asp Cys Tyr Glu Glu Asp
 260 265 270
 Leu Asn Glu Leu Leu Glu Lys Thr Ser Asp Asp Tyr Ala Glu Leu Phe
 275 280 285

 Leu Lys Ala Lys Gly Val Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Gln Ile Leu
 290 295 300
 Ser Lys Ser Asp Asp Glu Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala Asn Met Lys
 305 310 315 320
 Leu Arg Phe Glu Glu His Gln Arg Asp Leu Lys Gln Leu Lys Glu Leu
 325 330 335
 Val Arg Arg Asp Leu Pro Lys Lys Tyr Asp Asp Phe Phe Lys Asn Arg
 340 345 350

 Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Val Lys Gly Lys Ala Thr Gln Glu
 355 360 365
 Asp Phe Tyr Lys Phe Leu Arg Thr Glu Leu Ala Gly Leu Glu Glu Ser
 370 375 380
 Gln Ser Ile Met Glu Lys Ile Asp Leu Glu Ile Tyr Leu Leu Lys Gln
 385 390 395 400
 Arg Thr Phe Ala Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu Val Glu

405	410	415
Met Arg Glu Ile Met Asp Arg Gln Lys Arg Phe Tyr Pro Phe Leu Lys		
420	425	430
Gly Ala Gln Gly Lys Ile Glu Lys Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr		
435	440	445
Tyr Val Gly Pro Leu Ala Gln Glu Gly Gln Ser Pro Phe Ala Trp Ile		
450	455	460
Lys Arg Lys Ser Pro Ser Gln Ile Thr Pro Trp Asn Phe Ala Glu Val		
465	470	475
		480
Val Asp Lys Glu Asn Ser Ala Ile Glu Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn		
485	490	495
Gln Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Lys Val Leu Pro Lys Gln Ser Leu		
500	505	510
Ile Tyr Gln Arg Phe Met Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser Tyr		
515	520	525
Thr Asp Glu Arg Gly Lys Ser His Tyr Phe Ser Ser Glu Gln Lys Arg		
530	535	540
Lys Ile Phe Asn Glu Leu Phe Lys Gln His Pro Arg Val Thr Glu Lys		
545	550	555
		560
Gln Leu Arg Lys Phe Leu Glu Leu Asn Glu Gln Ile Asp Ser Thr Glu		
565	570	575
Ile Lys Gly Ile Glu Thr Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ser Thr Tyr His		
580	585	590
Asp Leu Leu Lys Leu Ser Thr Leu Leu Asp Asp Pro Asp Met Thr Thr		
595	600	605
Met Phe Glu Glu Ile Ile Lys Ile Leu Thr Ile Phe Glu Asp Arg Glu		
610	615	620
Met Ile Arg Glu Gln Leu Lys Pro Tyr Glu Thr Val Leu Gly Leu Pro		
625	630	635
		640
Ala Ile Lys Lys Leu Ala Lys Lys His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu		
645	650	655

Ser Glu Lys Met Ile Gln Gly Met Arg Glu Lys Gln Ser Arg Lys Thr
660 665 670

Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe Pro Cys Asn Arg Asn Arg
675 680 685

Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp His Leu Ser Phe Lys Glu Thr
690 695 700

Ile Ala Asn Glu Leu Ile Met Ser Asp Ser Asn Val Leu Leu Asp Gln
705 710 715 720

Val Lys Ala Ile Pro Gly Ser Pro Ala Val Lys Lys Gly Ile Trp Gln
725 730 735

Ser Ile Lys Ile Val Glu Glu Ile Ile Gly Ile Ile Gly Lys Ala Pro
740 745 750

Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Arg Thr Ser Arg
755 760 765

Ser Arg Pro Arg Leu Lys Ala Leu Glu Glu Ala Leu Lys Asn Ile Asp
770 775 780

Ser Pro Leu Leu Lys Asp Tyr Pro Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Lys
785 790 795 800

Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr
805 810 815

Gly Glu Pro Leu Glu Ile His Arg Leu Ser Glu Tyr Asp Ile Asp His
820 825 830

Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val Asp Asn Ser Leu Asp Asn Lys Val
835 840 845

Leu Val Ser Ser Lys Val Asn Arg Gly Lys Leu Asp Asn Ala Pro Asp
850 855 860

Pro Leu Val Val Lys Arg Met Arg Ser His Trp Glu Lys Leu His Gln
865 870 875 880

Ala Lys Leu Ile Ser Asp Lys Lys Leu Ala Asn Leu Thr Lys Gln Asn
885 890 895

Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu

900	905	910
Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Asn Leu Leu His Gln His Phe		
915	920	925
Asn Leu Pro Glu Glu Val Ser Ala Thr Glu Lys Thr Ser Ile Ile Thr		
930	935	940
Leu Lys Ser Thr Leu Thr Ser Gln Phe Arg Gln Met Phe Asp Ile Tyr		
945	950	955
Lys Val Arg Glu Ile Asn His His His His Ala His Asp Ala Tyr Leu		
965	970	975
Asn Gly Val Val Ala Met Thr Leu Leu Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Ala		
980	985	990
Pro Glu Phe Val Tyr Gly Ser Tyr Ile Lys Gly Asp Ile Asn Gln Ile		
995	1000	1005
Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Glu Phe Tyr Ser Asn Ile Met Lys		
1010	1015	1020
Phe Phe Glu Ser Glu Glu Ile Ile Cys Asp Glu Gln Gly Glu Val		
1025	1030	1035
Ile Trp Asn Lys Lys Arg Asp Leu Ser Thr Ile Lys Lys Thr Ile		
1040	1045	1050
Gly Ala His Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Lys Gln Lys		
1055	1060	1065
Gly Gly Phe Tyr Lys Glu Thr Ile Asn Ser Lys Ala Asn Pro Glu		
1070	1075	1080
Lys Leu Ile Pro Arg Lys Ala Ser Leu Asp Pro Leu Lys Tyr Gly		
1085	1090	1095
Gly Tyr Gly Ser Pro Leu Val Ala Tyr Thr Val Ile Phe Ile Phe		
1100	1105	1110
Glu Lys Gly Lys Gln Lys Lys Val Thr Lys Gly Ile Glu Gly Ile		
1115	1120	1125
Thr Val Met Glu Gln Leu Arg Phe Glu Gln Asp Pro Arg Glu Phe		
1130	1135	1140

Leu Lys Thr Lys Gly Tyr Glu Gly Val Lys Gln Trp Leu Ile Leu

1145 1150 1155

Pro Lys Tyr Ile Leu Phe Glu Ala Gln Gly Gly Tyr Arg Arg Met

1160 1165 1170

Ile Ala Ser Gln Glu Thr Gln Lys Ala Asn Ser Leu Ile Leu Pro

1175 1180 1185

Glu Asn Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala Arg His Tyr Asp Glu

1190 1195 1200

Ile Asn His Lys Val Ser Phe Asp Tyr Val Asn Ala His Lys Glu

1205 1210 1215

Gly Phe Asn Asp Ile Phe Asp Phe Ile Ser Asp Phe Gly Val Arg

1220 1225 1230

Tyr Ile Leu Ala Pro Gln His Leu Glu Lys Ile Lys Val Ala Tyr

1235 1240 1245

Glu Lys Asn Lys Glu Val Asp Leu Lys Glu Met Ile Asp Ala Ile

1250 1255 1260

Leu Ser Leu Leu Lys Phe Thr Leu Phe Gly Ala Ser Val Glu Phe

1265 1270 1275

Lys Phe Phe Asp Ile Lys Ile Leu Lys Arg Tyr Lys Ser Leu Thr

1280 1285 1290

Asp Ile Trp Glu Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Val Thr Gly Leu

1295 1300 1305

Tyr Glu Arg Arg Val Glu Val Arg Lys Leu Trp Asp Gly Glu Arg

1310 1315 1320

<210> 240

<211> 1330

<212> PRT

<213> Enterococcus phoeniculicola

<400> 240

Met Lys Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Glu Asn Tyr Asp Leu Val Lys Lys Lys Met

20 25 30

Lys Val Tyr Gly Asn Thr Glu Thr Lys Tyr Leu Lys Lys Asn Leu Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Glu Thr Ala Ala Asp Arg Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Ser Arg Arg Arg Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Arg Leu Gln Asp Leu Phe Thr Glu Glu Met Asn Gln Val Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Gln Glu Ser Phe Leu Val Pro Asp Glu Lys Glu

100 105 110

Phe Glu Arg His Ala Ile Phe Gly Lys Met Glu Glu Glu Val Ser Tyr

115 120 125

Tyr Arg Glu Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys His Leu Ala Asp

130 135 140

Thr Ser Glu Gln Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Glu Leu Asn Thr

165 170 175

Glu Asn Ser Ser Val Ser Glu Thr Phe Arg Thr Phe Ile Gln Val Tyr

180 185 190

Asn Gln Ile Phe Arg Glu Asn Glu Pro Leu Ala Val Pro Asp Asn Ile

195 200 205

Glu Glu Leu Phe Ser Glu Lys Val Ser Arg Ala Arg Lys Val Glu Ala

210 215 220

Ile Leu Ser Val Tyr Ser Glu Glu Lys Ser Thr Gly Thr Leu Ala Gln

225 230 235 240

Phe Leu Lys Leu Met Val Gly Asn Gln Gly Arg Phe Lys Lys Thr Phe

245 250 255

Asp Leu Glu Glu Asp Gly Ile Ile Gln Ile Pro Lys Glu Glu Tyr Glu

260 265 270
Glu Glu Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Glu

275 280 285
Ile Phe Ser Ala Thr Lys Ser Val Tyr Asp Ala Val Ala Leu Ser Gly

290 295 300
Ile Leu Ser Val Thr Asp Gly Asp Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala Ser
305 310 315 320
Met Val Glu Arg Tyr Glu Ala His Gln Lys Asp Leu Val Gln Phe Lys

325 330 335
Gln Phe Ile Arg Lys Glu Leu Pro Glu Met Tyr Ala Pro Ile Phe Arg

340 345 350
Asp Asn Ser Val Ser Gly Tyr Ala Gly Tyr Val Glu Asn Ser Val Thr

355 360 365
Gln Ala Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Lys Ala Ile Glu Lys Val Pro
370 375 380
Gly Ala Glu Tyr Phe Leu Glu Lys Ile Glu Gln Glu Thr Phe Leu Asp

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asn Asn Gly Val Ile Pro His Gln Ile His Leu

405 410 415
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile Gln Lys Gln Ala Thr Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Ala Asp Asn Lys Glu Glu Met Lys Gln Leu Val Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Asp Gly Asn Ser Pro Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Glu Arg Ile Ser Ser Glu Pro Ile Arg Pro Gly Asn Leu Ala Glu

465 470 475 480
Val Val Asp Ile Lys Lys Ser Ala Thr Lys Phe Ile Glu Arg Met Thr

485 490 495
Asn Phe Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Met Ile Tyr Glu Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Ser

515 520 525

Tyr Val Asp Glu Arg Gly Met Asn Gln Arg Phe Ser Gly Glu Glu Lys

530 535 540

Lys Gln Ile Val Glu Glu Leu Phe Lys Gln Ser Arg Lys Val Thr Lys

545 550 555 560

Lys Leu Leu Glu Lys Phe Leu Ser Asn Glu Phe Gly Leu Val Asp Val

565 570 575

Ala Ile Lys Gly Ile Glu Thr Ser Phe Asn Ala Gly Tyr Gly Thr Tyr

580 585 590

His Asp Phe Leu Lys Ile Gly Ile Thr Arg Glu Gln Leu Asp Lys Glu

595 600 605

Glu Asn Ser Glu Thr Leu Glu Glu Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe

610 615 620

Glu Asp Arg Lys Met Ile Arg Glu Gln Leu Lys Lys Tyr Thr Tyr Leu

625 630 635 640

Phe Asp Glu Glu Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly

645 650 655

Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Ile Gly Ile Lys Glu Lys Arg

660 665 670

Thr His Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Gly Gly Lys Gln

675 680 685

Pro Ile Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asp Leu Ser

690 695 700

Phe Lys Ser Glu Ile Ala Glu Ala Gln Ser Asp Met Asn Thr Glu Asp

705 710 715 720

Leu His Glu Val Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys

725 730 735

Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Asp Ile Met

740 745 750

Gly Ser Leu Pro Lys Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

755 760 765
 Thr Thr Ser Arg Gly Arg Thr Asn Ser Asn Pro Arg Met Lys Ala Leu
 770 775 780

Glu Glu Ala Met Arg Asn Leu Arg Ser Asn Leu Leu Lys Glu Tyr Pro

785 790 795 800

Thr Asp Asn Gln Ala Leu Gln Asn Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu

805 810 815

Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Leu Asp Leu Ser Leu His Asn

820 825 830

Leu Ser Ser Tyr Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Thr Thr

835 840 845

Asp Asn Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Lys Glu Asn Arg

850 855 860

Gly Lys Lys Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Gln Lys Asn Ile

865 870 875 880

Thr Leu Trp Glu Thr Leu Lys Asn Ser Asn Leu Ile Ser Gln Lys Lys

885 890 895

Tyr Asp Asn Leu Thr Lys Gly Leu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Asp Asp

900 905 910

Arg Ala His Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

915 920 925

Lys His Val Ala Arg Ile Leu Asp Gln Arg Phe Asn Ser Gln Lys Asp

930 935 940

Glu Glu Gly Lys Thr Ile Arg Ala Val Arg Val Val Thr Leu Lys Ser

945 950 955 960

Ser Leu Thr Ser Gln Phe Arg Lys Gln Phe Ala Ile His Lys Val Arg

965 970 975

Glu Ile Asn Asp Tyr His His Gly His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val

980 985 990

Val Ala Asn Ser Leu Leu Arg Val Tyr Pro Gln Leu Gln Pro Glu Phe

995 1000 1005

Val Tyr Gly Asp Tyr Pro Lys Phe Asn Ala Tyr Lys Ala Asn Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Lys Gln Leu Tyr Thr Asn Ile Met Lys Phe Phe		
1025	1030	1035
Ala Glu Asp Ala Val Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp		
1040	1045	1050
Asp Lys Lys Asn Ile Ala Thr Val Lys Lys Val Met Ser Tyr Pro		
1055	1060	1065
Gln Met Asn Ile Val Lys Lys Pro Glu Ile Gln Thr Gly Ser Phe		
1070	1075	1080
Ser Lys Glu Thr Ile Lys Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile		
1085	1090	1095
Ser Arg Lys Thr Asn Trp Ser Pro Lys Leu Tyr Gly Gly Phe Asp		
1100	1105	1110
Ser Pro Gln Val Ala Tyr Ser Val Ile Ile Thr Tyr Glu Lys Gly		
1115	1120	1125
Lys Lys Lys Val Arg Ala Lys Ala Ile Val Gly Ile Thr Ile Met		
1130	1135	1140
Glu Gln Ser Leu Phe Lys Lys Asp Pro Val Ser Leu Leu Glu Glu		
1145	1150	1155
Lys Gly Tyr Ala Asn Pro Glu Val Leu Ile His Leu Pro Lys Tyr		
1160	1165	1170
Thr Leu Tyr Glu Leu Glu Asn Gly Arg Arg Arg Leu Leu Ala Ser		
1175	1180	1185
Ala Asn Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Pro Ala Ser		
1190	1195	1200
Leu Val Thr Leu Leu Tyr His Ala Lys Gln Val Asp Glu Asp Ser		
1205	1210	1215
Gly Lys Ser Glu Glu Tyr Val Arg Glu His Arg Ala Glu Phe Ala		
1220	1225	1230
Glu Ile Leu Asn Tyr Val Gln Ala Phe Ser Glu Thr Lys Ile Leu		

1235 1240 1245
Ala Asn Lys Asn Leu Gln Thr Ile Leu Lys Leu Tyr Glu Glu Asn
1250 1255 1260
Lys Glu Ala Asp Ile Lys Glu Ile Ala Glu Ser Phe Val Asn Leu
1265 1270 1275
Met Lys Phe Ser Ala Tyr Gly Ala Pro Met Asp Phe Lys Phe Phe

1280 1285 1290
Gly Lys Thr Ile Pro Arg Ser Arg Tyr Thr Ser Val Gly Glu Leu
1295 1300 1305
Leu Ser Ala Thr Ile Ile Asn Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu
1310 1315 1320
Thr Arg Arg Lys Leu Val Asp
1325 1330

<210> 241

<211> 1327

<212> PRT

<213> Enterococcus sp. AM1

<400> 241

Met Gly Lys Glu Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Leu Gln Glu Asp Leu Asp Leu Val Arg Arg Lys Met
20 25 30
Lys Val Tyr Gly Asn Thr Glu Lys Asn Tyr Leu Lys Lys Asn Phe Trp
35 40 45
Gly Val Asp Leu Phe Asp Glu Gly Met Thr Ala Lys Asp Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Thr Arg Arg Arg Tyr Phe Arg Arg Arg Gln Arg Ile Ser

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Thr Phe Phe Gln Glu Glu Met Asn Arg Ile Asp Pro Asn
85 90 95
Phe Phe Asn Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Ile Glu Glu Asp Lys Leu
100 105 110

Ser Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Lys Asn Tyr Ala Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ala Asp
130 135 140
Ala Glu Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Arg Leu Ser Thr
165 170 175
Glu Asn Thr Ser Thr Glu Glu Thr Phe Lys Thr Phe Leu Gln Lys Tyr
180 185 190
Asn Gln Thr Phe Asn Pro Val Asp Glu Thr Ile Ser Ile Gly Ser Ile
195 200 205
Phe Ala Asp Lys Val Ser Arg Ala Lys Lys Ala Glu Gly Val Leu Ala
210 215 220
Leu Phe Pro Asp Glu Lys Arg Asn Gly Thr Phe Asp Gln Phe Leu Lys
225 230 235 240
Met Ile Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Lys Thr Phe Glu Leu Glu
245 250 255
Glu Asp Ala Lys Leu Gln Phe Ser Lys Glu Glu Tyr Asp Glu Ser Leu
260 265 270
Glu Ala Leu Leu Gly Glu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Asp Val Phe Glu
275 280 285
Ala Ala Lys Asn Val Tyr Asn Ala Val Glu Leu Ser Gly Ile Leu Thr
290 295 300
Val Thr Asp Asn Ser Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys
305 310 315 320
Arg Tyr Glu Asp His Lys Thr Asp Leu Lys Leu Phe Lys Glu Phe Ile
325 330 335
Arg Lys Asn Leu Pro Glu Lys Tyr His Glu Ile Phe Asn Asp Lys Asn
340 345 350
Thr Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Asn Ser Thr Ser Gln Glu Lys

355 360 365
 Phe Tyr Lys Tyr Ile Thr Asn Leu Ile Glu Lys Ile Asp Gly Ala Glu
 370 375 380
 Tyr Phe Leu Lys Lys Ile Glu Asn Glu Asp Phe Leu Arg Lys Gln Arg

 385 390 395 400
 Thr Phe Asp Asn Gly Ile Ile Pro His Gln Ile His Leu Glu Glu Leu
 405 410 415
 Lys Ala Ile Leu His His Gln Ala Met Tyr Tyr Pro Phe Leu Gln Glu
 420 425 430
 Lys Phe Ser Asn Phe Val Asp Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr
 435 440 445
 Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Asn Ser Arg Phe Ser Trp Leu Ser Arg

 450 455 460
 Lys Ser Asp Glu Pro Ile Arg Pro Trp Asn Leu Ala Glu Val Val Asp
 465 470 475 480
 Leu Ser Lys Ser Ala Glu Leu Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp
 485 490 495
 Leu Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Met Leu Tyr
 500 505 510
 Glu Lys Tyr Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Thr Tyr Lys Asp

 515 520 525
 Glu Gln Gly Lys Val Gln Asn Phe Ser Ser Glu Glu Lys Glu Arg Ile
 530 535 540
 Phe Ile Asp Leu Phe Lys Gln His Arg Lys Val Thr Lys Lys Asp Leu
 545 550 555 560
 Ser Asn Phe Leu Arg Asn Glu Tyr Asn Leu Asp Asp Val Ile Ile Asp
 565 570 575
 Gly Ile Glu Asn Lys Phe Asn Ala Ser Phe Asn Thr Tyr His Asp Phe

 580 585 590
 Leu Lys Leu Lys Ile Asp Pro Lys Val Leu Asp Asp Pro Ala Asn Glu
 595 600 605

Pro Met Phe Glu Glu Ile Val Lys Ile Leu Thr Ile Phe Glu Asp Arg
610 615 620

Lys Met Leu Arg Glu Gln Leu Ser Lys Phe Ser Asp Arg Leu Ser Glu
625 630 635 640

Lys Thr Ile Lys Asp Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg
645 650 655

Leu Ser Ala Lys Leu Ile Asn Gly Ile His Asp Lys Gln Ser Asn Lys
660 665 670

Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Ala Pro Lys Lys Asn Ile Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asn Arg Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Glu Ile Glu Lys Glu Gln Leu Lys Ala Asn Ser Glu Glu Ser Leu Ile
705 710 715 720

Glu Ile Val Gln Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
725 730 735

Phe Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Glu Ile Met Gly Tyr
740 745 750

Ala Pro Thr Asn Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Ala Asn Gly Arg Arg Asn Ser Arg Pro Arg Leu Lys Asn Leu Glu Lys
770 775 780

Ala Ile Asp Asp Leu Asp Ser Glu Ile Leu Lys Lys His Pro Val Asp
785 790 795 800

Asn Lys Ala Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Lys Asp Met Tyr Thr Asn Glu Glu Leu Asp Ile His Lys Leu Ser
820 825 830

Thr Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Val Asp Asn
835 840 845

Ser Leu Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Ser Lys Asn Arg Gly Lys

850 855 860
 Leu Asp Asp Val Pro Ser Lys Glu Val Val Lys Lys Met Arg Ala Phe
 865 870 875 880
 Trp Glu Ser Leu Tyr Arg Ser Gly Leu Ile Ser Lys Lys Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Val Lys Ala Glu Ser Gly Gly Leu Ser Glu Asp Asp Lys Ala

 900 905 910
 Gly Phe Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn
 915 920 925
 Val Ala Arg Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Ser Glu Lys Asp Glu Glu
 930 935 940
 Gly Asn Leu Ile Arg Lys Val Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ala Leu
 945 950 955 960
 Thr Ser Gln Phe Arg Lys Asn Tyr Gly Ile Tyr Lys Ile Arg Glu Ile

 965 970 975
 Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala
 980 985 990
 Thr Ala Leu Leu Lys Ile Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Glu Phe His Arg Phe Asn Ala Phe Lys Glu Asn Lys Ala Thr
 1010 1015 1020
 Ala Lys Lys Gln Phe Tyr Ser Asn Leu Met Glu Phe Ser Lys Ser

 1025 1030 1035
 Asp Lys Val Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asn Gln
 1040 1045 1050
 Lys Lys Ile Val Thr Val Lys Lys Val Met Asn Tyr Arg Gln Met
 1055 1060 1065
 Asn Ile Val Lys Lys Val Glu Ile Gln Lys Gly Gly Phe Ser Lys
 1070 1075 1080
 Glu Ser Ile Leu Pro Lys Gly Asp Ser Asp Lys Leu Ile Ser Arg

 1085 1090 1095

Lys Lys	Glu Trp Asp Thr Thr	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1100	1105	1110	
Asn Val	Ala Tyr Ser Val Val	Ile Arg Tyr Glu Lys	Gly Lys Thr
1115	1120	1125	
Arg Lys	Leu Val Lys Thr Ile	Val Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1130	1135	1140	
Ala Ala	Phe Glu Lys Asn Glu	Arg Glu Phe Leu Lys	Asn Lys Gly
1145	1150	1155	
Tyr Gln	Asn Pro Gln Ile Cys	Met Lys Leu Pro Lys	Tyr Ser Leu
1160	1165	1170	
Tyr Glu	Phe Asp Asp Gly Arg	Arg Arg Leu Leu Ala	Ser Ala Lys
1175	1180	1185	
Glu Ala	Gln Lys Gly Asn Gln	Met Val Leu Pro Ala	His Leu Val
1190	1195	1200	
Thr Phe	Leu Tyr His Ala Lys	His Cys Asn Glu Lys	Pro Asp Ser
1205	1210	1215	
Leu Lys	Tyr Val Thr Glu His	Gln Ser Gly Phe Ser	Glu Ile Met
1220	1225	1230	
Ala His	Val Lys Asp Phe Ala	Glu Lys Tyr Thr Leu	Val Asp Lys
1235	1240	1245	
Asn Leu	Glu Lys Ile Leu Ser	Leu Tyr Ala Lys Asn	Met Asp Ser
1250	1255	1260	
Glu Val	Lys Glu Ile Ala Gln	Ser Phe Val Asp Leu	Met Gln Leu
1265	1270	1275	
Asn Ala	Phe Gly Ala Pro Ala	Asp Phe Lys Phe Phe	Gly Glu Thr
1280	1285	1290	
Ile Pro	Arg Lys Arg Tyr Thr	Ser Val Asn Glu Leu	Leu Glu Ala
1295	1300	1305	
Thr Ile	Ile Asn Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Thr Arg Arg
1310	1315	1320	
Arg Leu	Gly Asp		
1325			

<210> 242

<211

> 1332

<212> PRT

<213> Enterococcus villorum

<400> 242

Met Asn Lys Ala Tyr Thr Leu Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Arg Leu Met Ala Lys Lys Met

20 25 30

Pro Val His Ser Lys Met Glu Lys Lys Lys Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Ala Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Glu Glu Arg Arg Asn

50 55 60

Lys Arg Ala Thr Arg Arg Arg Leu Arg Arg Arg Lys Tyr Arg Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Gln Lys Ile Phe Ser Glu Glu Ile Leu Lys Lys Asp Ser His

85 90 95

Phe Phe Ala Arg Leu Asp Glu Ser Phe Leu Ile Pro Glu Asp Lys Gln

100 105 110

Tyr Ala Arg Phe Pro Ile Phe Pro Thr Leu Leu Glu Glu Lys Ala Tyr

115 120 125

Tyr Gln Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Gln Lys Leu Ala Asp

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Ala Asp Ile Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Phe Glu Gly Glu Leu Asp Thr

165 170 175

Glu Asn Thr Ser Val Glu Glu Thr Phe Lys Glu Phe Ile Asp Ile Tyr

180 185 190

Asn Glu Gln Phe Glu Glu Gly Ile Ile Phe Tyr Lys Asp Ile Pro Leu

195 200 205

Ile Leu Thr Asp Lys Leu Ser Lys Ser Lys Lys Val Glu Lys Ile Leu
210 215 220
Gln Tyr Tyr Pro Lys Glu Lys Thr Thr Gly Cys Leu Ala Gln Phe Leu
225 230 235 240
Lys Leu Ile Val Gly Asn Gln Gly Asn Phe Lys Gln Ala Phe His Leu
245 250 255
Asp Glu Glu Val Lys Ile Gln Ile Ser Lys Glu Thr Tyr Glu Glu Asp
260 265 270
Leu Glu Lys Leu Leu Arg Lys Ser Asn Glu Glu Met Ile Asp Val Phe
275 280 285
Leu Gln Val Lys Lys Val Tyr Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu
290 295 300
Ser Thr Lys Met Lys Asp Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala Gly Met Ile
305 310 315 320
Glu Arg Tyr Gln Asn His Lys Lys Asp Leu Glu Glu Leu Lys Gln Phe
325 330 335
Val Arg Ala His Leu His Glu Lys Val Thr Val Phe Phe Lys Asp Ser
340 345 350
Ser Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gln Ala
355 360 365
Asp Phe Tyr Lys Phe Leu Lys Lys Glu Leu Thr Gly Val Pro Gly Ser
370 375 380
Glu Pro Met Leu Ala Lys Ile Asp Gln Glu Asn Phe Leu Leu Lys Gln
385 390 395 400
Arg Thr Pro Thr Asn Gly Val Ile Pro His Gln Val His Leu Thr Glu
405 410 415
Phe Lys Ala Ile Ile Asp Gln Gln Lys Gln Tyr Tyr Pro Phe Leu Glu
420 425 430
Lys Ser Lys Glu Lys Met Ile Gln Leu Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr
435 440 445
Tyr Val Gly Pro Leu Ala Gln Asp Lys Glu Thr Ser Ser Phe Ala Trp

450 455 460
 Leu Glu Arg Lys Thr Thr Glu Lys Ile Lys Pro Trp Asn Ala Lys Asp
 465 470 475 480
 Val Ile Asp Tyr Gly Ala Ser Ala Thr Lys Phe Ile Gln Arg Met Ile
 485 490 495
 Asn Tyr Asp Thr Tyr Leu Pro Thr Glu Lys Val Leu Pro Lys Tyr Ser

 500 505 510
 Met Leu Tyr Gln Lys Tyr Thr Ile Phe Asn Glu Leu Thr Lys Val Ala
 515 520 525
 Tyr Lys Asp Asp Arg Gly Ile Lys His Gln Phe Ser Ser Glu Glu Lys
 530 535 540
 Leu Arg Ile Phe Gln Glu Leu Phe Lys Lys Gln Arg Arg Val Thr Lys
 545 550 555 560
 Lys Lys Leu Gln His Phe Leu Ser Ala Asn Tyr Asn Ile Glu Asp Ala

 565 570 575
 Glu Ile Leu Gly Val Asp Lys Val Phe Asn Ser Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Phe Leu Glu Leu Ala Lys Pro Tyr Glu Leu Leu Glu Gln Pro
 595 600 605
 Glu Met Glu Glu Met Phe Glu Asp Ile Val Lys Ile Ile Thr Ile Phe
 610 615 620
 Glu Asp Arg Glu Met Val Arg Thr Gln Leu Lys Lys Tyr Gln Arg Ile

 625 630 635 640
 Leu Gly Glu Glu Ile Phe Lys Lys Leu Val Lys Lys Lys Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Lys Arg Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Gln Lys
 660 665 670
 Thr Asn Lys Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Ile Asp Asp Asp Phe Pro Tyr
 675 680 685
 Asn Arg Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile Asn Asp Asp His Leu Ser

 690 695 700

Phe Lys Glu Glu Ile Ala Lys Glu Leu Thr Leu Ser Asp Lys Gln Ser
 705 710 715 720
 Leu Leu Glu Val Val Glu Ala Ile Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys
 725 730 735
 Gly Ile Trp Gln Thr Leu Lys Ile Val Glu Glu Leu Ile Ala Ile Ile
 740 745 750
 Gly Tyr Lys Pro Lys Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln

 755 760 765
 Thr Thr Thr Gly Gly Lys Asn Arg Ser Lys Pro Arg Leu Lys Ser Leu
 770 775 780
 Glu Glu Ala Leu Lys Asn Phe Asp Ser Gln Leu Leu Lys Glu Arg Pro
 785 790 795 800
 Val Asp Asn Gln Ser Leu Gln Lys Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu
 805 810 815
 Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Glu Ser Leu Asp Ile Asp Arg

 820 825 830
 Leu Ser Glu Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Arg Ser Phe Ile Val
 835 840 845
 Asp His Ser Leu Asp Asn Lys Val Leu Val Ser Ser Lys Glu Asn Arg
 850 855 860
 Leu Lys Lys Asp Asp Val Pro Asp Ser Lys Val Val Lys Arg Met Lys
 865 870 875 880
 Ala Tyr Trp Glu Lys Leu Leu Arg Ala Asn Leu Ile Ser Glu Arg Lys

 885 890 895
 Phe Ser Tyr Leu Thr Lys Leu Glu Leu Thr Asp Asp Asp Lys Ala Arg
 900 905 910
 Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 915 920 925
 Ala Ala Ile Leu His Gln Tyr Phe Asn Gln Thr Gln Glu Leu Glu Lys
 930 935 940
 Glu Lys Asp Ile Arg Ile Ile Thr Leu Lys Ser Ser Leu Val Ser Gln

945	950	955	960
Phe Arg Gln Val	Phe Gly Ile His Lys Val	Arg Glu Ile Asn His His	
	965	970	975
His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala Leu Ala Leu			
	980	985	990
Leu Lys Lys Tyr Pro Arg Leu Ala	Pro Glu Phe Val Tyr	Gly Ser Phe	
	995	1000	1005
Ala Lys	Phe His Leu Val Lys	Glu Asn Lys Ala Thr	Ala Lys Lys
1010	1015	1020	
Glu Phe	Tyr Ser Asn Ile Leu	Lys Phe Phe Glu Lys	Glu Glu Gln
	1025	1030	1035
Phe Cys	Asp Glu Asn Gly Glu	Ile Phe Trp Asp Lys	Arg Lys His
	1040	1045	1050
Ile Gln	Gln Ile Lys Lys Val	Ile Ser Ser His Gln	Val Asn Ile
	1055	1060	1065
Val Lys	Lys Val Glu Val Gln	Thr Gly Ser Phe Tyr	Lys Glu Thr
1070	1075	1080	
Val Asn	Thr Lys Glu Lys Pro	Asp Lys Leu Ile Lys	Arg Lys Asn
	1085	1090	1095
Asn Trp	Asp Val Thr Lys Tyr	Gly Gly Phe Gly Ser	Pro Val Val
	1100	1105	1110
Ala Tyr	Ala Val Val Phe Thr	Tyr Glu Lys Gly Lys	Asn His Lys
	1115	1120	1125
Lys Ala	Lys Ala Ile Glu Gly	Ile Thr Ile Met Glu	Gln Ala Leu
1130	1135	1140	
Phe Glu	Lys Asp Pro Ile Ser	Phe Leu Ile Glu Lys	Gly Tyr Ser
	1145	1150	1155
Asn Val	Asn Gln Phe Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Thr	Leu Phe Glu
	1160	1165	1170
Leu Ala	Asn Gly Gln Arg Arg	Met Leu Ala Ser Gln	Glu Leu Gln
	1175	1180	1185

Lys Ala Asn Ser Phe Ile Leu Pro Glu Lys Leu Val Thr Leu Leu

1190 1195 1200

Tyr His Ala Asn His Tyr Asp Glu Ile Ala Tyr Lys Asp Ser Tyr

1205 1210 1215

Asp Tyr Val Asn Glu His Phe Ser Asn Phe Gln Asp Ile Leu Asp

1220 1225 1230

Lys Val Ile Ile Phe Ala Glu Lys Tyr Thr Ser Ala Pro Gln Lys

1235 1240 1245

Leu Asn Gln Ile Ile Ala Thr Tyr Glu Lys Asn Gln Glu Ala Asp

1250 1255 1260

Arg Lys Ile Met Ala His Ser Phe Val Asn Leu Met Gln Phe Asn

1265 1270 1275

Ala Leu Gly Ala Pro Ala Asp Phe Lys Phe Phe Asp Thr Thr Ile

1280 1285 1290

Thr Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Leu Thr Glu Ile Trp Gln Ser Thr

1295 1300 1305

Ile Ile Tyr Gln Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Arg Arg

1310 1315 1320

Met Ala Asp Leu Trp Asp Gly Val Gln

1325 1330

<210> 243

<211> 1359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 243

Ala Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35	40	45	
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu			
50	55	60	
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys			
65	70	75	80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser			
85	90	95	
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys			
100	105	110	
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr			
115	120	125	
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp			
130	135	140	
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
165	170	175	
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys			
195	200	205	
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
210	215	220	
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
245	250	255	
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
260	265	270	
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
275	280	285	

Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350

 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415

 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480

 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys

530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605

 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670

 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735

 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
785 790 795 800

Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
820 825 830

Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
850 855 860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
885 890 895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
900 905 910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
915 920 925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
945 950 955 960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
965 970 975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
980 985 990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
1010 1015 1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala	Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu	Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys
1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
1265 1270 1275

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
1280 1285 1290

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355

<210> 244

<211> 1300

<212> PRT

<213> Kandleria vitulina

<400> 244

Asn Asn Lys Ile Tyr Asn Ile Gly Leu Asp Ile Gly Asp Ala Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Asp Glu His Tyr Asn Leu Leu Lys Arg His Gly
20 25 30

Lys His Met Trp Gly Ser Arg Leu Phe Thr Gln Ala Asn Thr Ala Val
35 40 45

Glu Arg Arg Ser Ser Arg Ser Thr Arg Arg Arg Tyr Asn Lys Arg Arg
50 55 60

Glu Arg Ile Arg Leu Leu Arg Gly Ile Met Glu Asp Met Val Leu Asp
65 70 75 80

Val Asp Pro Thr Phe Phe Ile Arg Leu Ala Asn Val Ser Phe Leu Asp
85 90 95

Gln Glu Asp Lys Lys Asp Tyr Leu Lys Ser Asn Tyr Asn Leu Phe Ile

100	105	110	
Asp Lys Asp Phe Asn Asp Lys Thr Tyr Tyr Asp Lys Tyr Pro Thr Ile			
115	120	125	
Tyr His Leu Arg Lys His Leu Cys Glu Ser Lys Glu Lys Glu Asp Pro			
130	135	140	
Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly Asn			
145	150	155	160
Phe Leu Tyr Glu Gly Gln Lys Phe Ser Met Asp Val Ser Asn Ile Glu			
165	170	175	
Asp Lys Met Ile Asp Val Leu Arg Gln Phe Asn Glu Ile Asn Leu Phe			
180	185	190	
Glu Tyr Val Glu Asp Lys Lys Ile Asp Glu Val Leu Asn Val Leu Lys			
195	200	205	
Glu Pro Leu Ser Lys Lys His Lys Ala Asp Lys Ala Phe Ala Leu Phe			
210	215	220	
Asp Thr Thr Lys Asp Asn Lys Ala Ala Tyr Lys Glu Leu Cys Ala Ala			
225	230	235	240
Leu Ala Gly Asn Lys Phe Asn Val Thr Lys Met Leu Lys Glu Ala Glu			
245	250	255	
Leu His Asp Glu Asp Glu Lys Asp Ile Ser Phe Lys Phe Ser Asp Ala			
260	265	270	
Thr Phe Asp Asp Ala Phe Val Glu Lys Gln Pro Leu Leu Gly Asp Cys			
275	280	285	
Val Glu Phe Ile Asp Leu Leu His Asp Ile Tyr Ser Trp Val Glu Leu			
290	295	300	
Gln Asn Ile Leu Gly Ser Ala His Thr Ser Glu Pro Ser Ile Ser Ala			
305	310	315	320
Ala Met Ile Gln Arg Tyr Glu Asp His Lys Asn Asp Leu Lys Leu Leu			
325	330	335	
Lys Asp Val Ile Arg Lys Tyr Leu Pro Lys Lys Tyr Phe Glu Val Phe			
340	345	350	

Arg Asp Glu Lys Ser Lys Lys Asn Asn Tyr Cys Asn Tyr Ile Asn His
355 360 365

Lys Thr Pro Val Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Lys Leu Ile Glu
370 375 380

Lys Ile Asp Asp Pro Asp Val Lys Thr Ile Leu Asn Lys Ile Glu Leu
385 390 395 400

Glu Ser Phe Met Leu Lys Gln Asn Ser Arg Thr Asn Gly Ala Val Pro
405 410 415

Tyr Gln Met Gln Leu Asp Glu Leu Asn Lys Ile Leu Glu Asn Gln Ser
420 425 430

Val Tyr Tyr Ser Asp Leu Lys Asp Asn Glu Asp Lys Ile Arg Ser Ile
435 440 445

Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Phe Gly Pro Leu Ile Thr Lys Asp
450 455 460

Arg Gln Phe Asp Trp Ile Ile Lys Lys Glu Gly Lys Glu Asn Glu Arg
465 470 475 480

Ile Leu Pro Trp Asn Ala Asn Glu Ile Val Asp Val Asp Lys Thr Ala
485 490 495

Asp Glu Phe Ile Lys Arg Met Arg Asn Phe Cys Thr Tyr Phe Pro Asp
500 505 510

Glu Pro Val Leu Ala Lys Asn Ser Leu Thr Val Ser Lys Tyr Glu Val
515 520 525

Leu Asn Glu Ile Asn Lys Leu Arg Ile Asn Asp His Leu Ile Lys Arg
530 535 540

Asp Ile Lys Asp Lys Met Leu His Thr Leu Phe Met Asp His Lys Ser
545 550 555 560

Ile Ser Ala Asn Ala Met Lys Lys Trp Leu Val Lys Asn Gln Tyr Phe
565 570 575

Ser Asn Thr Asp Asp Ile Lys Ile Glu Gly Phe Gln Lys Glu Asn Ala
580 585 590

Cys Ser Thr Ser Leu Thr Pro Trp Ile Asp Phe Thr Lys Ile Phe Gly

595	600	605
Glu Ile Asn Asn Ser Asn Tyr Glu Leu Ile Glu Lys Ile Ile Tyr Asp		
610	615	620
Val Thr Val Phe Glu Asp Lys Lys Ile Leu Arg Arg Arg Leu Lys Lys		
625	630	635
Glu Tyr Asp Leu Asp Glu Glu Lys Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Lys		
645	650	655
Tyr Ser Gly Trp Ser Arg Leu Ser Lys Lys Leu Leu Ser Gly Ile Lys		
660	665	670
Thr Lys Arg Thr Pro Glu Thr Val Leu Glu Val Met Glu Thr Asn Met		
675	680	685
Asn Leu Met Gln Val Ile Asn Asp Glu Lys Leu Gly Phe Lys Lys Thr		
690	695	700
Ile Asp Asp Ala Asn Ser Thr Ser Val Ser Gly Lys Phe Ser Tyr Ala		
705	710	715
Glu Val Gln Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Arg Gly Ile Trp		
725	730	735
Gln Ala Leu Leu Ile Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Met Lys His Glu		
740	745	750
Pro Ala His Val Tyr Ile Glu Phe Ala Arg Asn Glu Asp Lys Glu Arg		
755	760	765
Lys Asp Ser Phe Val Asn Gln Met Leu Lys Leu Tyr Lys Asp Phe Glu		
770	775	780
Asp Glu Ala Asn Lys His Leu Lys Gly Glu Asp Ala Lys Ser Lys Ile		
785	790	795
Arg Ser Glu Arg Leu Lys Leu Tyr Tyr Thr Gln Met Gly Lys Cys Met		
805	810	815
Tyr Thr Gly Lys Ser Leu Asp Ile Asp Arg Leu Asp Thr Tyr Gln Val		
820	825	830
Asp His Ile Val Pro Gln Ser Leu Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn		
835	840	845

Lys Val Leu Val Leu Ser Ser Glu Asn Gln Arg Lys Leu Asp Asp Leu
850 855 860
Val Ile Pro Glu Met Ile Arg Asn Lys Met Phe Gly Phe Trp Asn Lys
865 870 875 880

Leu Tyr Glu Asn Lys Ile Ile Ser Pro Lys Lys Phe Tyr Ser Leu Ile
885 890 895
Lys Ser Glu Tyr Ser Asp Lys Asp Lys Glu Arg Phe Ile Asn Arg Gln
900 905 910
Ile Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Ile Ser
915 920 925
Asn His Tyr Glu Thr Thr Lys Val Val Thr Val Arg Ala Asp Leu Ser
930 935 940

His Ala Phe Arg Glu Arg Tyr His Ile Tyr Lys Asn Arg Asp Ile Asn
945 950 955 960
Asp Phe His His Ala His Asp Ala Tyr Ile Ala Thr Ile Leu Gly Thr
965 970 975
Tyr Ile Gly His Arg Phe Glu Ser Leu Asp Ala Lys Tyr Ile Tyr Gly
980 985 990
Glu Tyr Gln Lys Ile Phe Arg Asn Lys Asn Lys Asp Lys Lys Asp Gly
995 1000 1005

Phe Ile Leu Asn Ser Met Arg Asn Leu Tyr Ala Asp Lys Asp Thr
1010 1015 1020
Gly Glu Val Val Trp Asp Pro Glu Trp Ile Ser Arg Ile Lys Lys
1025 1030 1035
Cys Phe Tyr Tyr Lys Asp Cys Phe Val Thr Lys Lys Leu Glu Glu
1040 1045 1050
Asn Asn Gly Ser Phe Phe Asn Thr Val Arg Pro Asn Asp Glu His
1055 1060 1065

Ser Glu Lys Gly Ala Lys Val Pro Val Asn Lys Leu Arg Ser Asn
1070 1075 1080
Val His Lys Tyr Gly Gly Phe Glu Gly Leu Lys Tyr Ser Ile Val

1085	1090	1095
Ala Ile Lys Gly Lys Lys Lys	Lys Gly Lys Lys Ile	Ile Asp Val
1100	1105	1110
Asn Lys Leu Val Gly Ile Pro	Leu Met Tyr Lys Asn	Val Asp Asp
1115	1120	1125
Glu Thr Lys Ile Asn Tyr Ile	Lys Glu Ser Glu Gly	Leu Glu Glu
1130	1135	1140
Val Lys Ile Ile Lys Glu Ile	Leu Lys Asn Gln Leu	Ile Glu Ile
1145	1150	1155
Asn Gly Gly Leu Phe Tyr Val	Thr Ser Glu Ile Val	Asn Ala Arg
1160	1165	1170
Gln Leu Ile Leu Asp Phe Asn	Cys Thr Arg Ile Ile	Asp Gly Ile
1175	1180	1185
Tyr Lys Ala Met Lys Tyr Lys	Asn Tyr Ser Glu Leu	Ser Gln Glu
1190	1195	1200
Glu Ile Met Asn Val Tyr Asp	Ile Phe Val Glu Lys	Leu Lys Leu
1205	1210	1215
Tyr Tyr Pro Thr Tyr Lys Asn	Ile Ala Thr Asn Phe	Glu Asn Phe
1220	1225	1230
Glu Asn Ile Ser Asp Glu Glu	Lys Cys Glu Val Ile	Gln Met Leu
1235	1240	1245
Val Val Met His Ala Gly Pro	Gln Asn Gly Asn Ile	Thr Phe Asp
1250	1255	1260
Asp Phe Lys Leu Ser Asn Arg	Leu Gly Arg Leu Asn	Cys Lys Thr
1265	1270	1275
Ile Ser Leu Thr Thr Val Phe	Ile Ala Asp Ser Pro	Thr Gly Met
1280	1285	1290
Tyr Ser Lys Lys Tyr Lys Leu		
1295	1300	
<210>	245	
<211>	1301	
<212>	PRT	

<213> Kandleria vitulina

<400> 245

Asn Asn Lys Ile Tyr Asn Ile Gly Leu Asp Ile Gly Asp Ala Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Val Asp Glu His Tyr Asn Leu Leu Lys Arg His Gly

20 25 30

Lys His Met Trp Gly Ser Arg Leu Phe Thr Gln Ala Asn Thr Ala Val

35 40 45

Glu Arg Arg Ser Ser Arg Ser Thr Arg Arg Arg Tyr Asn Lys Arg Arg

50 55 60

Glu Arg Ile Arg Leu Leu Arg Glu Ile Met Glu Asp Met Val Leu Asp

65 70 75 80

Val Asp Pro Thr Phe Phe Ile Arg Leu Ala Asn Val Ser Phe Leu Asp

85 90 95

Gln Glu Asp Lys Lys Asp Tyr Leu Lys Ser Asn Tyr Asn Leu Phe Ile

100 105 110

Asp Lys Asp Phe Asn Asp Lys Thr Tyr Tyr Asp Lys Tyr Pro Thr Ile

115 120 125

Tyr His Leu Arg Lys His Leu Cys Glu Ser Lys Glu Lys Glu Asp Pro

130 135 140

Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly Asn

145 150 155 160

Phe Leu Tyr Glu Gly Gln Lys Phe Ser Met Asp Val Ser Asn Ile Glu

165 170 175

Asp Lys Met Ile Asp Val Leu Arg Gln Phe Asn Glu Ile Asn Leu Phe

180 185 190

Glu Tyr Val Glu Asp Lys Lys Ile Asp Glu Val Leu Asn Val Leu Lys

195 200 205

Glu Pro Leu Ser Lys Lys His Lys Ala Glu Lys Ala Phe Ala Leu Phe

210 215 220

Asp Thr Thr Lys Asp Asn Lys Ala Ala Tyr Lys Glu Leu Cys Ala Ala

225 230 235 240
 Leu Ala Gly Asn Lys Phe Asn Val Thr Lys Met Leu Lys Glu Ala Glu
 245 250 255

 Leu His Asp Glu Asp Glu Lys Asp Ile Ser Phe Lys Phe Ser Asp Ala
 260 265 270
 Thr Phe Asp Asp Ala Phe Val Glu Lys Gln Pro Leu Leu Gly Asp Cys
 275 280 285
 Val Glu Phe Ile Asp Leu Leu His Asp Ile Tyr Ser Trp Val Glu Leu
 290 295 300
 Gln Asn Ile Leu Gly Ser Ala His Thr Ser Glu Pro Ser Ile Ser Ala
 305 310 315 320

 Ala Met Ile Gln Arg Tyr Glu Asp His Lys Asn Asp Leu Lys Leu Leu
 325 330 335
 Lys Asp Val Ile Arg Lys Tyr Leu Pro Lys Lys Tyr Phe Glu Val Phe
 340 345 350
 Arg Asp Glu Lys Ser Lys Lys Asn Asn Tyr Cys Asn Tyr Ile Asn His
 355 360 365
 Lys Thr Pro Val Asp Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Lys Leu Ile Glu
 370 375 380

 Lys Ile Asp Asp Pro Asp Val Lys Thr Ile Leu Asn Lys Ile Glu Leu
 385 390 395 400
 Glu Ser Phe Met Leu Lys Gln Asn Ser Arg Thr Asn Gly Ala Val Pro
 405 410 415
 Tyr Gln Met Gln Leu Asp Glu Leu Asn Lys Ile Leu Glu Asn Gln Ser
 420 425 430
 Val Tyr Tyr Ser Asp Leu Lys Asp Asn Glu Asp Lys Ile Arg Ser Ile
 435 440 445

 Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Phe Gly Pro Leu Ile Thr Lys Asp
 450 455 460
 Arg Gln Phe Asp Trp Ile Ile Lys Lys Glu Gly Lys Glu Asn Glu Arg
 465 470 475 480

Ile Leu Pro Trp Asn Ala Asn Glu Ile Val Asp Val Asp Lys Thr Ala
485 490 495

Asp Glu Phe Ile Lys Arg Met Arg Asn Phe Cys Thr Tyr Phe Pro Asp
500 505 510

Glu Pro Val Met Ala Lys Asn Ser Leu Thr Val Ser Lys Tyr Glu Val
515 520 525

Leu Asn Glu Ile Asn Lys Leu Arg Ile Asn Asp His Leu Ile Lys Arg
530 535 540

Asp Met Lys Asp Lys Met Leu His Thr Leu Phe Met Asp His Lys Ser
545 550 555 560

Ile Ser Ala Asn Ala Met Lys Lys Trp Leu Val Lys Asn Gln Tyr Phe
565 570 575

Ser Asn Thr Asp Asp Ile Lys Ile Glu Gly Phe Gln Lys Glu Asn Ala
580 585 590

Cys Ser Thr Ser Leu Thr Pro Trp Ile Asp Phe Thr Lys Ile Phe Gly
595 600 605

Lys Ile Asn Glu Ser Asn Tyr Asp Phe Ile Glu Lys Ile Ile Tyr Asp
610 615 620

Val Thr Val Phe Glu Asp Lys Lys Ile Leu Arg Arg Arg Leu Lys Lys
625 630 635 640

Glu Tyr Asp Leu Asp Glu Glu Lys Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Lys
645 650 655

Tyr Ser Gly Trp Ser Arg Leu Ser Lys Lys Leu Leu Ser Gly Ile Lys
660 665 670

Thr Lys Arg Thr Pro Glu Thr Val Leu Glu Val Met Glu Thr Asn Met
675 680 685

Asn Leu Met Gln Val Ile Asn Asp Glu Lys Leu Gly Phe Lys Lys Thr
690 695 700

Ile Asp Asp Ala Asn Ser Thr Ser Val Ser Gly Lys Phe Ser Tyr Ala
705 710 715 720

Glu Val Gln Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Arg Gly Ile Trp

725	730	735	
Gln Ala Leu Leu Ile Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Met Lys His Glu			
740	745	750	
Pro Ala His Val Tyr Ile Glu Phe Ala Arg Asn Glu Asp Lys Glu Arg			
755	760	765	
Lys Asp Ser Phe Val Asn Gln Met Leu Lys Leu Tyr Lys Asp Phe Glu			
770	775	780	
Asp Glu Ala Asn Lys His Leu Lys Gly Glu Asp Ala Lys Ser Lys Ile			
785	790	795	800
Arg Ser Glu Arg Leu Lys Leu Tyr Tyr Thr Gln Met Gly Lys Cys Met			
805	810	815	
Tyr Thr Gly Lys Ser Leu Asp Ile Asp Arg Leu Asp Thr Tyr Gln Val			
820	825	830	
Asp His Ile Val Pro Gln Ser Leu Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn			
835	840	845	
Lys Val Leu Val Leu Ser Ser Glu Asn Gln Arg Lys Leu Asp Asp Leu			
850	855	860	
Val Ile Pro Ser Ser Ile Arg Asn Lys Met Tyr Gly Phe Trp Glu Lys			
865	870	875	880
Leu Phe Asn Asn Lys Ile Ile Ser Pro Lys Lys Phe Tyr Ser Leu Ile			
885	890	895	
Lys Thr Glu Phe Asn Glu Lys Asp Gln Glu Arg Phe Ile Asn Arg Gln			
900	905	910	
Ile Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Ile Asp			
915	920	925	
Asn His Tyr Glu Asn Thr Lys Val Val Thr Val Arg Ala Asp Leu Ser			
930	935	940	
His Gln Phe Arg Glu Arg Tyr His Ile Tyr Lys Asn Arg Asp Ile Asn			
945	950	955	960
Asp Phe His His Ala His Asp Ala Tyr Ile Ala Thr Ile Leu Gly Thr			
965	970	975	

Tyr Ile Gly His Arg Phe Glu Ser Leu Asp Ala Lys Tyr Ile Tyr Gly
 980 985 990
 Glu Tyr Lys Arg Ile Phe Arg Gln Lys Asn Lys Gly Lys Asn Asp Gly
 995 1000 1005
 Phe Ile Leu Asn Ser Met Arg Asn Ile Tyr Ala Asp Lys Asp Thr
 1010 1015 1020

 Gly Glu Ile Val Trp Asp Pro Asn Tyr Ile Asp Arg Ile Lys Lys
 1025 1030 1035
 Cys Phe Tyr Tyr Lys Asp Cys Phe Val Thr Lys Lys Leu Glu Glu
 1040 1045 1050
 Asn Asn Gly Thr Phe Phe Asn Thr Val Leu Pro Asn Asp Thr Asn
 1055 1060 1065
 Ser Asp Lys Asp Ala Thr Val Pro Val Asn Lys Tyr Arg Ser Asn
 1070 1075 1080

 Val Asn Lys Tyr Gly Gly Phe Ser Gly Val Asn Ser Phe Ile Val
 1085 1090 1095
 Ala Ile Lys Gly Lys Lys Lys Lys Gly Lys Lys Val Ile Glu Val
 1100 1105 1110
 Asn Lys Leu Thr Gly Ile Pro Leu Met Tyr Lys Asn Ala Asp Glu
 1115 1120 1125
 Glu Ile Lys Ile Asn Tyr Leu Lys Gln Ala Glu Asp Leu Glu Glu
 1130 1135 1140

 Val Gln Ile Gly Lys Glu Ile Leu Lys Asn Gln Leu Ile Glu Lys
 1145 1150 1155
 Asp Gly Gly Leu Tyr Tyr Ile Val Ala Glu Ile Ile Asn Ala Lys
 1160 1165 1170
 Gln Leu Ile Leu Asn Glu Ser Gln Thr Lys Leu Val Cys Glu Ile
 1175 1180 1185
 Tyr Lys Ala Met Lys Tyr Lys Asn Tyr Asp Asn Leu Asp Ser Glu
 1190 1195 1200

 Lys Ile Ile Asp Leu Tyr Arg Leu Leu Ile Asn Lys Met Glu Leu

1205	1210	1215
Tyr Tyr Pro Glu Tyr Arg Lys	Gln Leu Val Lys Lys	Phe Glu Asp
1220	1225	1230
Leu Lys Val Ile Ser Ile Glu	Glu Lys Cys Asn Ile	Ile Gln Ile
1235	1240	1245
Leu Ala Thr Leu His Cys Asn	Ser Ser Ile Gly Lys	Ile Met Tyr
1250	1255	1260
Ser Asp Phe Lys Ile Ser Thr	Thr Ile Gly Arg Leu	Asn Gly Arg
1265	1270	1275
Thr Ile Ser Leu Asp Ile Ser	Phe Ile Ala Glu Ser	Pro Thr Gly
1280	1285	1290
Met Tyr Ser Lys Lys Tyr Lys	Leu	
1295	1300	
<210>	246	
<211>	1304	
<212>	PRT	
<213>	Lactobacillus animalis	
<400>	246	
Leu Lys Lys Asp Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val		
1	5	10
		15
Gly His Ala Val Val Thr Asp Asp Tyr Lys Val Pro Thr Lys Lys Met		
20	25	30
Lys Val Phe Gly Asp Thr Ser Lys Lys Thr Ile Lys Lys Asn Met Leu		
35	40	45
Gly Val Leu Leu Phe Asn Glu Gly Gln Thr Ala Ala Asp Thr Arg Leu		
50	55	60
Lys Arg Gly Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Leu Arg		
65	70	75
		80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Pro Ala Leu Ala Lys Val Asp Pro Asn		
85	90	95
Phe Phe Tyr Arg Leu Glu Glu Ser Ser Leu Val Ala Glu Asp Lys Lys		
100	105	110

Tyr Asp Val Tyr Pro Ile Phe Gly Lys Arg Glu Glu Glu Leu Leu Tyr
 115 120 125
 His Asp Thr His Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Ser Glu Leu Ala Asn
 130 135 140

 Asn Asp Arg Pro Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Leu Glu Gly Glu Ile Asp Leu
 165 170 175
 Arg Thr Thr Asp Ile Asn Lys Val Phe Ala Glu Phe Ser Glu Thr Leu
 180 185 190
 Asn Glu Asn Ser Asp Glu Asn Leu Gly Lys Leu Asp Val Ala Asp Ile
 195 200 205

 Phe Lys Asp Asn Thr Phe Ser Lys Thr Lys Lys Ser Glu Glu Leu Leu
 210 215 220
 Lys Leu Ser Gly Lys Lys Asn Gln Leu Ala His Gln Leu Phe Lys Met
 225 230 235 240
 Met Val Gly Asn Met Gly Ser Phe Lys Lys Val Leu Gly Thr Asp Glu
 245 250 255
 Glu His Lys Leu Ser Phe Gly Lys Asp Thr Tyr Glu Asp Asp Leu Asn
 260 265 270

 Asp Leu Leu Ala Glu Ala Gly Asp Gln Tyr Leu Asp Ile Phe Val Ala
 275 280 285
 Ala Lys Lys Val Tyr Asp Ala Ala Ile Leu Ala Ser Ile Leu Asp Val
 290 295 300
 Lys Asp Thr Gln Thr Lys Thr Val Phe Ser Gln Ala Met Ile Glu Arg
 305 310 315 320
 Tyr Glu Glu His Gln Lys Asp Leu Ile Glu Leu Lys Arg Val Phe Lys
 325 330 335

 Lys Tyr Leu Pro Glu Lys Cys His Asp Phe Phe Ser Glu Pro Lys Ile
 340 345 350
 Ser Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Lys Val Ser Glu Glu Asp Phe

355	360	365
Tyr Lys Tyr Thr Lys Lys Thr Leu Lys Gly Ile Pro Glu Thr Glu Glu		
370	375	380
Ile Leu Gln Lys Ile Asp Ala Asn Asn Tyr Leu Arg Lys Gln Arg Thr		
385	390	395
		400
Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Val His Leu Lys Glu Leu Val		
405	410	415
Ala Ile Val Glu Asn Gln Gly Lys Tyr Tyr Pro Phe Leu Arg Glu Asn		
420	425	430
Lys Asp Lys Phe Glu Lys Ile Leu Asn Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val		
435	440	445
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Lys Phe Ala Trp Leu Thr Arg Ala		
450	455	460
Gly Glu Gly Lys Ile Thr Pro Tyr Asn Phe Asp Glu Met Ile Asp Lys		
465	470	475
		480
Glu Thr Ser Ala Glu Asp Phe Ile Lys Arg Met Thr Ile Asn Asp Leu		
485	490	495
Tyr Leu Pro Thr Glu Pro Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu		
500	505	510
Arg Tyr Thr Ile Phe Asn Glu Leu Ala Gly Val Arg Tyr Val Thr Glu		
515	520	525
Asn Gly Glu Ala Lys Tyr Phe Asp Ala Gln Thr Lys Arg Ser Ile Phe		
530	535	540
Glu Leu Phe Lys Leu Asp Arg Lys Val Ser Glu Lys Met Val Ile Lys		
545	550	555
		560
His Leu Lys Val Val Met Pro Ala Ile Arg Ile Gln Ala Leu Lys Gly		
565	570	575
Leu Asp Asn Gly Lys Phe Asn Ala Ser Tyr Gly Thr Tyr Lys Asp Leu		
580	585	590
Val Asp Met Gly Val Ala Pro Glu Leu Leu Asn Asp Glu Val Asn Ser		
595	600	605

Glu Lys Trp Glu Asp Ile Ile Lys Thr Leu Thr Ile Phe Glu Gly Arg
 610 615 620
 Lys Leu Ile Lys Arg Arg Leu Glu Asn Tyr Arg Asp Phe Leu Gly Glu
 625 630 635 640
 Asp Ile Leu Arg Lys Leu Ser Arg Lys Lys Tyr Thr Gly Trp Gly Arg
 645 650 655

 Leu Ser Ala Lys Leu Leu Asp Gly Ile Tyr Asp Lys Lys Thr His Lys
 660 665 670
 Thr Ile Leu Asp Cys Leu Met Glu Asp Tyr Ser Gln Asn Phe Met Gln
 675 680 685
 Leu Ile Asn Asp Asp Thr Tyr Ser Phe Lys Glu Thr Ile Lys Asn Ala
 690 695 700
 Gln Val Ile Glu Lys Glu Glu Thr Leu Ala Lys Thr Val Gln Glu Leu
 705 710 715 720

 Pro Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Glu Ile
 725 730 735
 Val Asp Glu Ile Ile Lys Val Met Gly Tyr Lys Pro Lys Ser Ile Val
 740 745 750
 Val Glu Met Ala Arg Glu Thr Gln Thr His Gly Thr Arg Lys Arg Glu
 755 760 765
 Asp Arg Val Gln Gln Ile Val Lys Asn Leu Lys Glu Leu Pro Lys Pro
 770 775 780

 Ser Asn Ala Glu Leu Ser Asp Glu Arg Lys Tyr Leu Tyr Cys Leu Gln
 785 790 795 800
 Asn Gly Arg Asp Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Asp Tyr Asp His Leu
 805 810 815
 Gln Phe Tyr Asp Val Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp
 820 825 830
 Asp Ser Ile Glu Asn Lys Val Leu Thr Ile Lys Lys Glu Asn Val Arg
 835 840 845

 Lys Thr Asn Gly Leu Pro Ser Glu Ala Val Ile Gln Lys Met Gly Ser

850	855	860	
Phe Trp Lys Lys Leu Leu Asp Ala Gly Ala Met Thr Asn Lys Lys Tyr			
865	870	875	880
Asp Asn Leu Arg Arg Asn Leu His Gly Gly Leu Asn Glu Lys Leu Lys			
	885	890	895
Glu Arg Phe Ile Glu Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys			
	900	905	910
Tyr Val Ala Gln Leu Leu Asp Gln Arg Leu Asn Tyr Asp Gly Asn Gly			
	915	920	925
Val Glu Leu Asp Glu Lys Ile Ala Ile Val Thr Leu Lys Ala Gln Leu			
	930	935	940
Ala Ser Gln Phe Arg Ser Glu Phe Lys Leu Arg Lys Val Arg Ala Leu			
945	950	955	960
Asn Asn Leu His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Ala			
	965	970	975
Asn Leu Ile Met Ala Lys Tyr Pro Glu Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr			
	980	985	990
Gly Lys Tyr Arg Lys Thr Lys Phe Lys Gly Leu Gly Lys Ala Thr Ala			
	995	1000	1005
Lys Asn Thr Leu Tyr Ala Asn Val Leu Tyr Phe Leu Lys Glu Asn			
	1010	1015	1020
Glu Val Tyr Pro Phe Trp Asp Lys Ala Arg Asp Leu Pro Thr Ile			
	1025	1030	1035
Lys Arg Tyr Leu Tyr Arg Ala Gln Val Asn Lys Val Arg Lys Ala			
	1040	1045	1050
Glu Arg Gln Thr Gly Gly Phe Ser Asp Glu Met Leu Val Pro Lys			
	1055	1060	1065
Ser Asp Ser Gly Lys Leu Leu Pro Arg Lys Glu Gly Leu Asp Pro			
	1070	1075	1080
Val Lys Tyr Gly Gly Tyr Ala Lys Ala Val Glu Ser Tyr Ala Val			
	1085	1090	1095

Leu Ile Thr Ala Asp Glu Val Lys Lys Gly Lys Thr Lys Lys Val

1100 1105 1110

Lys Thr Leu Val Asn Ile Pro Ile Ile Asp Ser Lys Lys Tyr Glu

1115 1120 1125

Ala Asp Pro Thr Ala Tyr Leu Ala Ser Arg Gly Tyr Thr Asn Val

1130 1135 1140

Thr Asn Ser Phe Ile Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Leu Glu Asp Pro

1145 1150 1155

Glu Gly Arg Arg Arg Tyr Leu Ala Ser Lys Glu Phe Gln Lys Ala

1160 1165 1170

Asn Glu Leu Ile Leu Pro Gln His Leu Val Glu Leu Leu Tyr Trp

1175 1180 1185

Val Asn Ala Lys Asp Gly Glu Gln Lys Leu Glu Asp His Lys Ala

1190 1195 1200

Glu Phe Lys Glu Leu Phe Asp Lys Ile Met Glu Phe Ala Asp Lys

1205 1210 1215

Tyr Val Val Ala Pro Lys Asn Ser Glu Lys Ile Arg Arg Leu Tyr

1220 1225 1230

Glu Glu Asn Gln Asp Ala Thr Pro Met Glu Leu Gly Lys Asn Phe

1235 1240 1245

Val Glu Leu Leu Arg Tyr Thr Ala Asp Gly Ala Ala Ser Asp Phe

1250 1255 1260

Lys Phe Phe Gly Glu Asn Ile Pro Arg Lys Arg Tyr Asn Ser Ala

1265 1270 1275

Gly Ser Leu Leu Asn Gly Thr Leu Ile Tyr Gln Ser Lys Thr Gly

1280 1285 1290

Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Gly Lys Leu

1295 1300

<210> 247

<211> 1292

<212> PRT

<213> Lactobacillus curvatus

<400> 247

Met Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Ser Ser Ile
1 5 10 15

Gly Trp Ser Val Val Asp Asp Gln Ser Lys Leu Val Ser Val Arg Gly
20 25 30

Lys Tyr Gly Tyr Gly Val Arg Leu Tyr Asp Glu Gly Gln Thr Ala Ala
35 40 45

Glu Arg Arg Ser Phe Arg Thr Thr Arg Arg Arg Leu Lys Arg Arg Lys
50 55 60

Trp Arg Leu Gly Leu Leu Arg Glu Ile Phe Glu Pro Tyr Ile Thr Pro
65 70 75 80

Val Asp Asp Thr Phe Phe Leu Arg Lys Lys Gln Ser Asn Leu Ser Pro
85 90 95

Lys Asp Gln Arg Lys Gln Thr Ser Leu Phe Asn Asp Arg Thr Asp Arg
100 105 110

Ala Phe Tyr Asp Asp Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Tyr Lys Leu
115 120 125

Met Thr Glu Lys Arg Gln Phe Asp Ile Arg Glu Ile Tyr Leu Ala Met
130 135 140

His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Asn Glu Ala Pro Val
145 150 155 160

Ser Ser Phe Lys Ser Ser Glu Ile Asn Leu Val Ala His Phe Asp Arg
165 170 175

Leu Asn Thr Ile Phe Ala Asp Leu Phe Ser Glu Ser Gly Phe Thr Asp
180 185 190

Lys Leu Ala Glu Val Lys Ala Leu Leu Leu Asp Asn His Gln Ser Ala
195 200 205

Ser Asn Arg Gln Arg Gln Ala Leu Leu Leu Ile Tyr Thr Pro Ser Lys
210 215 220

Gln Asn Lys Ala Ile Ala Thr Glu Leu Leu Lys Ala Ile Leu Gly Leu
225 230 235 240

Lys Ala Lys Phe Asn Val Leu Thr Gly Ile Glu Ala Glu Asp Val Lys
 245 250 255
 Thr Trp Thr Leu Thr Phe Asn Ala Glu Asn Phe Asp Glu Glu Met Val
 260 265 270
 Lys Leu Glu Ser Ser Leu Asp Asp Asn Ala His Gln Ile Ile Glu Ser
 275 280 285

 Leu Gln Glu Leu Tyr Ser Gly Val Leu Leu Ala Gly Ile Val Pro Glu
 290 295 300
 Asn Gln Ser Leu Ser Gln Ala Met Ile Thr Lys Tyr Asp Asp His Gln
 305 310 315 320
 Lys His Leu Lys Met Leu Lys Ala Val Arg Glu Ala Leu Ala Pro Glu
 325 330 335
 Asp Arg Gln Arg Leu Lys Gln Ala Tyr Asp Gln Tyr Val Asp Gly Lys
 340 345 350

 Ser Lys Glu Asp Phe Tyr Gly Asp Ile Thr Lys Ala Leu Lys Asn Asn
 355 360 365
 Pro Asp His Pro Ile Val Ser Glu Ile Lys Lys Leu Ile Glu Leu Asp
 370 375 380
 Gln Phe Met Pro Lys Gln Arg Thr Lys Asp Asn Gly Ala Ile Pro His
 385 390 395 400
 Gln Leu His Gln Gln Glu Leu Asp Arg Ile Ile Glu Asn Gln Gln Gln
 405 410 415

 Tyr Tyr Pro Trp Leu Ala Glu Leu Asn Pro Asn Lys Leu Asp Glu Leu
 420 425 430
 Val Ala Phe Arg Val Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Gln Gln Gln Ser
 435 440 445
 Ser Asp Ala Lys Phe Ala Trp Met Ile Arg Lys Ala Glu Gly Gln Ile
 450 455 460
 Thr Pro Trp Asn Phe Asp Asp Lys Val Asp Arg Gln Ala Ser Ala Asn
 465 470 475 480

 Glu Phe Ile Lys Arg Met Thr Thr Thr Asp Thr Tyr Leu Leu Ala Glu

485	490	495
Asp Val Leu Pro Lys Gln Ser Leu Ile Tyr Gln Arg Phe Glu Val Leu		
500	505	510
Asn Glu Leu Asn Gly Leu Lys Ile Asp Asp Gln Pro Ile Thr Thr Glu		
515	520	525
Leu Lys Gln Ala Ile Phe Thr Asp Leu Phe Met Gln Lys Thr Ser Val		
530	535	540
Thr Val Lys Asn Ile Gln Asp Tyr Leu Val Ser Glu Lys Arg Tyr Ala		
545	550	555
Ser Arg Pro Ala Ile Thr Gly Leu Ser Asp Glu Asn Lys Phe Asn Ser		
565	570	575
Arg Leu Ser Thr Tyr His Asp Leu Lys Thr Ile Val Gly Asp Ala Val		
580	585	590
Asp Asp Val Asp Lys Gln Ala Asp Leu Glu Lys Cys Ile Glu Trp Ser		
595	600	605
Thr Ile Phe Glu Asp Gly Lys Ile Tyr Ser Ala Lys Leu Asn Glu Ile		
610	615	620
Asp Trp Leu Thr Asp Gln Gln Arg Val Gln Leu Ala Ala Lys Arg Tyr		
625	630	635
Arg Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Thr Gln Ile Val Asn		
645	650	655
Ala Asn Gly Gln Arg Ile Met Asp Leu Leu Trp Thr Thr Asp Asn Phe		
660	665	670
Met Arg Ile Val His Ser Glu Asp Phe Asp Lys Leu Ile Thr Glu Ala		
675	680	685
Asn Gln Met Met Leu Ala Glu Asn Asp Val Gln Asp Val Ile Asn Asp		
690	695	700
Leu Tyr Thr Ser Pro Gln Asn Lys Lys Ala Leu Arg Gln Ile Leu Leu		
705	710	715
Val Val Asn Asp Ile Gln Lys Ala Met Lys Gly Gln Ala Pro Glu Arg		
725	730	735

Ile Leu Ile Glu Phe Ala Arg Glu Asp Glu Val Asn Pro Arg Leu Ser
740 745 750

Val Gln Arg Lys Arg Gln Val Glu Gln Val Tyr Gln Asn Ile Ser Glu
755 760 765

Leu Glu Ile Arg Asn Glu Leu Lys Asp Leu Ser Asn Ser Ala Leu Ser
770 775 780

Asn Thr Arg Leu Phe Leu Tyr Phe Met Gln Gly Gly Arg Asp Met Tyr
785 790 795 800

Thr Gly Asp Ser Leu Asn Ile Asp Arg Leu Ser Thr Tyr Asp Ile Asp
805 810 815

His Ile Leu Pro Gln Ser Phe Ile Lys Asp Asn Ser Leu Asp Asn Arg
820 825 830

Val Leu Val Ser Gln Arg Met Asn Arg Ser Lys Ala Asp Gln Val Pro
835 840 845

Ser Val Glu Leu Gly Gln Lys Met Gln Ile Gln Trp Glu Gln Met Leu
850 855 860

Arg Ala Gly Leu Ile Thr Lys Lys Lys Tyr Asp Asn Leu Thr Leu Asn
865 870 875 880

Pro Asp Met Lys Gly Phe Ile Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln
885 890 895

Val Ile Lys Leu Ala Thr Asn Leu Leu Met Glu Gln Tyr Gly Glu Asp
900 905 910

Asn Ile Glu Leu Ile Thr Val Lys Ser Gly Leu Thr His Gln Met Arg
915 920 925

Thr Glu Phe Asp Phe Pro Lys Asn Arg Asn Leu Asn Asn His His His
930 935 940

Ala Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Phe Val Gly Leu Tyr Leu Leu Lys
945 950 955 960

Arg Tyr Pro Lys Leu Lys Pro Tyr Phe Val Tyr Gly Glu Tyr Gln Lys
965 970 975

Ala Ser Gln Gln Asp Lys Arg Asn Phe Asn Phe Leu Asn Gly Leu Lys

980	985	990
Lys Asp Glu Leu Val Asp Glu Asn Thr Glu Ala Val Ile Trp Asn Lys		
995	1000	1005
Glu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu Asn Lys Ile Tyr Gln Phe Lys Lys		
1010	1015	1020
Ile Leu Val Thr Arg Glu Val His Glu Asn Ser Gly Ala Leu Phe		
1025	1030	1035
Asn Gln Thr Leu Tyr Ala Ala Lys Asp Asp Lys Ala Ser Gly Gln		
1040	1045	1050
Leu Ile Pro Ala Lys Gln Asp Arg Pro Thr Ala Leu Tyr Gly Gly		
1055	1060	1065
Tyr Ser Gly Lys Thr Val Ala Tyr Met Cys Ile Val Arg Ile Lys		
1070	1075	1080
Asn Lys Lys Gly Asp Leu Tyr Lys Val Cys Gly Val Glu Thr Ser		
1085	1090	1095
Trp Leu Ala Gln Leu Lys Gln Lys Lys Ala Phe Leu Lys Gln Lys		
1100	1105	1110
Ile Ser Pro Gln Phe Thr Lys Val Lys Lys Gln Lys Gly Thr Ile		
1115	1120	1125
Val Lys Val Val Glu Asp Phe Glu Val Ile Ala Pro His Ile Leu		
1130	1135	1140
Ile Asn Gln Arg Phe Phe Asp Asn Gly Gln Glu Leu Thr Leu Gly		
1145	1150	1155
Ser His Asn Glu Gln Glu Leu Ile Leu Asp Lys Thr Ala Val Lys		
1160	1165	1170
Leu Leu Asn Gly Ala Leu Pro Leu Thr Gln Ser Glu Glu Leu Ala		
1175	1180	1185
Glu Gln Val Tyr Asp Glu Ile Leu Asp Gln Val Met His Tyr Phe		
1190	1195	1200
Pro Leu Tyr Asp Thr Asn Gln Phe Arg Ala Lys Leu Ser Ala Gly		
1205	1210	1215

Lys Ala Ala Asp Gly Asn Lys Met Val Gln Val Gly Gln Gln Val
1220 1225 1230

Ile Leu Asp Arg Val Leu Ile Gly Leu His Ala Asn Ala Ala Val
1235 1240 1245

Ser Asp Leu Gly Val Leu Lys Ile Ser Thr Pro Leu Gly Lys Met
1250 1255 1260

Gln Gln Pro Ser Gly Ile Ser Asp Thr Gln Ile Ile Tyr Gln Ser
1265 1270 1275

Pro Thr Gly Leu Phe Glu Arg Arg Val Ala Leu Arg Asp Leu
1280 1285 1290

<210> 248

<211> 1291

<212> PRT

<213> Lactobacillus farciminis

<400> 248

Lys Glu Gln Pro Tyr Asn Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Gly Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Thr Asn Asp Asn Tyr Asp Leu Leu Asn Ile Lys Lys
20 25 30

Lys Asn Leu Trp Gly Val Arg Leu Phe Glu Gly Ala Gln Thr Ala Lys
35 40 45

Glu Thr Arg Leu Asn Arg Ser Thr Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Lys

50 55 60

Asn Arg Ile Asn Trp Leu Asn Glu Ile Phe Ser Glu Glu Leu Ala Asn
65 70 75 80

Thr Asp Pro Ser Phe Leu Ile Arg Leu Gln Asn Ser Trp Val Ser Lys
85 90 95

Lys Asp Pro Asp Arg Lys Arg Asp Lys Tyr Asn Leu Phe Ile Asp Asn
100 105 110

Pro Tyr Thr Asp Lys Glu Tyr Tyr Arg Glu Phe Pro Thr Ile Phe His

115 120 125

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Ile Asn Lys Asn Lys Ala Asp Ile Arg Leu
 130 135 140
 Val Tyr Leu Ala Leu His Asn Ile Leu Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Thr
 145 150 155 160
 Tyr Glu His Gln Lys Phe Asn Ile Ser Thr Leu Asn Ser Asn Leu Ser
 165 170 175
 Lys Glu Leu Ile Glu Leu Asn Gln Gln Leu Ile Lys Tyr Asp Ile Ser
 180 185 190
 Phe Pro Asp Asn Cys Asp Trp Asn His Ile Ser Asp Ile Leu Ile Gly
 195 200 205
 Arg Gly Asn Ala Thr Gln Lys Ser Ser Asn Ile Leu Asn Asn Phe Thr
 210 215 220
 Lys Glu Thr Lys Lys Leu Leu Lys Glu Val Ile Asn Leu Ile Leu Gly
 225 230 235 240
 Asn Val Ala His Leu Asn Thr Ile Phe Lys Thr Ser Leu Thr Lys Asp
 245 250 255
 Glu Glu Lys Leu Ser Phe Ser Gly Lys Asp Ile Glu Ser Lys Leu Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Ser Ile Leu Asp Asp Asp Gln Phe Thr Val Leu Asp Thr
 275 280 285
 Ala Asn Arg Ile Tyr Ser Thr Ile Thr Leu Asn Glu Ile Leu Asn Gly
 290 295 300
 Glu Ser Tyr Phe Ser Met Ala Lys Val Asn Gln Tyr Glu Asn His Ala
 305 310 315 320
 Ile Asp Leu Cys Lys Leu Arg Asp Met Trp His Thr Thr Lys Asn Glu
 325 330 335
 Lys Ala Val Gly Leu Ser Arg Gln Ala Tyr Asp Asp Tyr Ile Asn Lys
 340 345 350
 Lys Lys Glu Leu Tyr Thr Ser Leu Lys Lys Phe Leu Lys Val Ala Leu
 355 360 365
 Pro Thr Asn Leu Ala Lys Glu Ala Glu Glu Lys Ile Ser Lys Gly Thr

370 375 380
 Tyr Leu Val Lys Pro Arg Asn Ser Glu Asn Gly Val Val Pro Tyr Gln
 385 390 395 400
 Leu Asn Lys Ile Glu Met Glu Lys Ile Ile Asp Asn Gln Ser Gln Tyr
 405 410 415
 Tyr Pro Phe Leu Lys Glu Asn Lys Glu Lys Leu Leu Ser Ile Leu Ser
 420 425 430
 Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Gln Ser Ser Glu Lys Asn

 435 440 445
 Pro Phe Ala Trp Met Glu Arg Lys Ser Asn Gly His Ala Arg Pro Trp
 450 455 460
 Asn Phe Asp Glu Ile Val Asp Arg Glu Lys Ser Ser Asn Lys Phe Ile
 465 470 475 480
 Arg Arg Met Thr Val Thr Asp Ser Tyr Leu Val Gly Glu Pro Val Leu
 485 490 495
 Pro Lys Asn Ser Leu Ile Tyr Gln Arg Tyr Glu Val Leu Asn Glu Leu

 500 505 510
 Asn Asn Ile Arg Ile Thr Glu Asn Leu Lys Thr Asn Pro Thr Gly Ser
 515 520 525
 Arg Leu Thr Val Glu Thr Lys Gln His Ile Tyr Asn Glu Leu Phe Lys
 530 535 540
 Asn Tyr Lys Lys Ile Thr Val Lys Lys Leu Thr Lys Trp Leu Ile Ala
 545 550 555 560
 Gln Gly Tyr Tyr Lys Asn Pro Ile Leu Ile Gly Leu Ser Gln Lys Asp

 565 570 575
 Glu Phe Asn Ser Thr Leu Thr Thr Tyr Leu Asp Met Lys Lys Ile Phe
 580 585 590
 Gly Ser Ser Phe Met Glu Asn Asn Lys Asn Tyr Asn Gln Ile Glu Glu
 595 600 605
 Leu Ile Glu Trp Leu Thr Ile Phe Glu Asp Lys Gln Ile Leu Asn Glu
 610 615 620

Lys Leu His Ser Ser Asn Tyr Ser Tyr Thr Ser Asp Gln Ile Lys Lys

625 630 635 640

Ile Ser Asn Met Arg Tyr Lys Gly Trp Gly Arg Leu Ser Lys Lys Ile

645 650 655

Leu Thr Cys Ile Thr Thr Glu Thr Asn Thr Pro Lys Ser Leu Gln Leu

660 665 670

Ser Asn Asp Leu Met Trp Thr Thr Asn Asn Asn Phe Ile Ser Ile Ile

675 680 685

Ser Asn Asp Lys Tyr Asp Phe Lys Asn Tyr Ile Glu Asn His Asn Leu

690 695 700

Asn Lys Asn Glu Asp Gln Asn Ile Ser Asn Leu Val Asn Asp Ile His

705 710 715 720

Val Ser Pro Ala Leu Lys Arg Gly Ile Thr Gln Ser Ile Lys Ile Val

725 730 735

Gln Glu Ile Val Lys Phe Met Gly His Ala Pro Lys Tyr Ile Phe Ile

740 745 750

Glu Val Thr Arg Glu Thr Lys Thr Thr Ser Arg Gly Lys Arg Ile Gln

755 760 765

Arg Leu Gln Ser Lys Leu Leu Asn Lys Ala Asn Gly Leu Val Pro Glu

770 775 780

Glu Leu Lys Lys His Lys Asn Asp Leu Ser Ser Glu Arg Ile Met Leu

785 790 795 800

Tyr Phe Leu Gln Asn Gly Lys Ser Leu Tyr Ser Glu Glu Ser Leu Asn

805 810 815

Ile Asn Lys Leu Ser Asp Tyr Gln Val Asp His Ile Leu Pro Arg Thr

820 825 830

Tyr Ile Pro Asp Asp Ser Leu Glu Asn Lys Ala Leu Val Leu Ala Lys

835 840 845

Glu Asn Gln Arg Lys Ala Asp Asp Leu Leu Leu Asn Ser Asn Val Ile

850 855 860

Asp Lys Asn Leu Glu Arg Trp Thr Tyr Met Leu Asn Asn Asn Met Met

865 870 875 880
 Gly Leu Lys Lys Phe Lys Asn Leu Thr Arg Arg Val Ile Thr Asp Lys

 885 890 895
 Asp Lys Leu Gly Phe Ile His Arg Gln Leu Val Gln Thr Ser Gln Met
 900 905 910
 Val Lys Gly Val Ala Asn Ile Leu Asn Ser Met Tyr Lys Asn Gln Gly
 915 920 925
 Thr Thr Cys Ile Gln Ala Arg Ala Asn Leu Ser Thr Ala Phe Arg Lys
 930 935 940
 Ala Leu Glu Leu Val Lys Asn Arg Asn Ile Asn Asp Phe His His Ala

 945 950 955 960
 Gln Asp Ala Tyr Leu Ala Ser Phe Leu Gly Thr Tyr Arg Leu Arg Arg
 965 970 975
 Phe Pro Thr Asp Glu Met Leu Leu Met Asn Gly Glu Tyr Asn Lys Phe
 980 985 990
 Tyr Gly Lys Glu Leu Tyr Ser Lys Lys Ser Arg Lys Asn Gly Phe Ile
 995 1000 1005
 Ile Ser Pro Leu Val Asn Gly Thr Thr Gln Asp Arg Asn Thr Gly

 1010 1015 1020
 Glu Ile Ile Trp Asn Val Gly Phe Arg Asp Lys Ile Leu Lys Ile
 1025 1030 1035
 Phe Asn Tyr His Gln Cys Asn Val Thr Arg Lys Thr Glu Ile Lys
 1040 1045 1050
 Thr Gly Gln Phe Tyr Asp Gln Thr Ile Tyr Ser Pro Lys Asn Pro
 1055 1060 1065
 Lys Lys Leu Ile Ala Gln Lys Lys Asp Met Asp Pro Asn Ile Tyr

 1070 1075 1080
 Gly Gly Phe Ser Gly Asp Asn Lys Ser Ser Ile Thr Ile Val Lys
 1085 1090 1095
 Ile Asp Asn Asn Lys Ile Lys Pro Val Ala Ile Pro Ile Arg Leu
 1100 1105 1110

Ile Asn Asp Lys Lys Thr Leu Gln Asn Trp Leu Glu Glu Asn Val

1115 1120 1125

Lys His Lys Lys Ser Ile Gln Ile Ile Lys Asn Asn Val Pro Ile

1130 1135 1140

Gly Gln Ile Ile Tyr Ser Lys Lys Val Gly Leu Leu Ser Arg Glu

1145 1150 1155

Ile Ala Asn Arg Gln Gln Leu Ile Leu Pro Pro Glu His Ser Ala

1160 1165 1170

Leu Leu Arg Ile Leu Gln Ile Pro Asp Glu Asp Pro Asp Gln Ile

1175 1180 1185

Leu Ala Phe Tyr Asp Lys Asn Ile Leu Val Glu Ile Leu Gln Glu

1190 1195 1200

Leu Ile Thr Lys Met Lys Lys Phe Tyr Pro Phe Tyr Lys Asn Glu

1205 1210 1215

Gln Glu Phe Leu Ala Ser Phe Asn Gln Ala Thr Thr Ser Glu Lys

1220 1225 1230

Ile Asn Ser Leu Glu Glu Leu Ile Thr Leu Leu His Ala Asn Ser

1235 1240 1245

Thr Ser Ala His Leu Ile Phe Asn Asn Ile Glu Lys Lys Ala Phe

1250 1255 1260

Gly Arg Lys Thr His Gly Leu Thr Asp Thr Asp Phe Ile Tyr Gln

1265 1270 1275

Ser Val Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile His Ile Glu

1280 1285 1290

<210> 249

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria innocua*

<400> 249

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Ile Ala Gly Asp Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Ala Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Ala Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80

 Tyr Leu Gln Gly Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Thr Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Ser Asp Ser Phe Tyr Val Asp Asn Glu Lys Arg
 100 105 110
 Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Glu Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140

 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Gln Asn Thr Ser Val Asp Gly Ile Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Ala Ser Gly Ile Glu Lys Leu Glu Asp Asn Lys Asp
 195 200 205

 Val Ala Lys Ile Leu Val Glu Lys Val Thr Arg Lys Glu Lys Leu Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Lys Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Ala Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Pro
 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Ser Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr

260	265	270	
Glu Glu Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Leu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala			
275	280	285	
Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Val Val Leu Ser			
290	295	300	
Ser Ile Ile Thr Val Ala Glu Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Thr His Glu Glu Asp Leu Gly Glu Leu			
325	330	335	
Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys His Tyr Glu Glu Ile Phe			
340	345	350	
Ser Asn Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys			
355	360	365	
Gln Ala Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Met Thr Leu Glu Asn Ile Glu			
370	375	380	
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Lys Glu Asn Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu			
405	410	415	
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe			
420	425	430	
Leu Lys Glu Asn Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile			
435	440	445	
Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp			
450	455	460	
Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu			
465	470	475	480
Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr			
485	490	495	
Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser			
500	505	510	

Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Leu Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525

Tyr Ile Asn Asp Gln Gly Lys Thr Ser Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540

Glu Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560

Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Met Ser His Val Glu Ser Pro
 565 570 575

Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ser Ser Tyr Ser Thr Tyr
 580 585 590

His Asp Leu Leu Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605

Val Asn Thr Glu Met Leu Glu Asn Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620

Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640

Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655

Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Met Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670

Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685

Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Thr Thr Ala Asp Lys Asp Ile Gln Ser Ile
 705 710 715 720

Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735

Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750

Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

755	760	765	
Gly Lys Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile			
770	775	780	
Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln			
785	790	795	800
Glu Leu Arg Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys			
805	810	815	
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr			
820	825	830	
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile			
835	840	845	
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp			
850	855	860	
Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu			
865	870	875	880
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu			
885	890	895	
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe			
900	905	910	
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala			
915	920	925	
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Glu Lys Asp Asp His Gly Asn			
930	935	940	
Thr Met Lys Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser			
945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Asp Val Asn Asp			
965	970	975	
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
980	985	990	
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp			
995	1000	1005	

Tyr His	Gln Phe Asp Trp Phe	Lys Ala Asn Lys Ala	Thr Ala Lys
1010	1015	1020	
Lys Gln	Phe Tyr Thr Asn Ile	Met Leu Phe Phe Ala	Gln Lys Asp
1025	1030	1035	
Arg Ile	Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Lys Tyr
1040	1045	1050	
Leu Asp	Thr Val Lys Lys Val	Met Ser Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065	
Val Lys	Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Lys Ala Thr
1070	1075	1080	
Ile Lys	Pro Lys Gly Asn Ser	Ser Lys Leu Ile Pro	Arg Lys Thr
1085	1090	1095	
Asn Trp	Asp Pro Met Lys Tyr	Gly Gly Leu Asp Ser	Pro Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Val Val Ile Glu	Tyr Ala Lys Gly Lys	Asn Lys Leu
1115	1120	1125	
Val Phe	Glu Lys Lys Ile Ile	Arg Val Thr Ile Met	Glu Arg Lys
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Ala Phe Leu Glu Glu	Gln Gly Tyr
1145	1150	1155	
Arg Gln	Pro Lys Val Leu Ala	Lys Leu Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Glu Gly Arg Arg	Arg Met Leu Ala Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Ala Gln	Lys Gly Asn Gln Gln	Val Leu Pro Asn His	Leu Val Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	His His Ala Ala Asn	Cys Glu Val Ser Asp	Gly Lys Ser
1205	1210	1215	
Leu Asp	Tyr Ile Glu Ser Asn	Arg Glu Met Phe Ala	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala His	Val Ser Glu Phe Ala	Lys Arg Tyr Thr Leu	Ala Glu Ala

1235 1240 1245
 Asn Leu Asn Lys Ile Asn Gln Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly
 1250 1255 1260
 Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe
 1265 1270 1275

 Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Thr Thr
 1280 1285 1290
 Ile Glu Arg Lys Arg Tyr Asn Asn Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser
 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Asp
 1325
 <210> 250
 <211> 1327
 <212> PRT
 <213> *Listeria innocua*
 <400> 250
 Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Ile Ala Gly Asp Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Ala Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Ala Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Gly Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Thr Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Ser Asp Ser Phe Tyr Val Asp Asn Glu Lys Arg
 100 105 110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Glu Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Gln Asn Thr Ser Val Asp Gly Ile Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Ala Ser Gly Ile Glu Lys Leu Glu Asp Asn Lys Asp
 195 200 205
 Val Ala Lys Ile Leu Val Glu Lys Val Thr Arg Lys Glu Lys Leu Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Lys Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Ala Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Pro
 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Ser Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Leu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Val Val Leu Ser
 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Ala Glu Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Thr His Glu Glu Asp Leu Gly Glu Leu
 325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys His Tyr Glu Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ser Asn Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

355 360 365
 Gln Ala Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Met Thr Leu Glu Asn Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Lys Glu Asn Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asn Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Leu Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg

 515 520 525
 Tyr Ile Asn Asp Gln Gly Lys Thr Ser Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Glu Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Met Ser His Val Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ser Ser Tyr Ser Thr Tyr

 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605

Val Asn Thr Glu Met Leu Glu Asn Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
610 615 620
Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
625 630 635 640
Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
645 650 655
Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Met Gly Ile Arg Asp Lys Gln
660 665 670
Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
675 680 685
Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
690 695 700
Ile Glu Lys Glu Gln Val Thr Thr Ala Asp Lys Asp Ile Gln Ser Ile
705 710 715 720
Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
725 730 735
Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
740 745 750
Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys
755 760 765
Gly Lys Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
770 775 780
Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
785 790 795 800
Glu Leu Arg Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
805 810 815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr
820 825 830
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
835 840 845
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp

850 855 860
 Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu
 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe

 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Glu Lys Asp Asp His Gly Asn
 930 935 940
 Thr Met Lys Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser
 945 950 955 960
 Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Asp Val Asn Asp

 965 970 975
 Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr
 980 985 990
 Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp
 995 1000 1005
 Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Asp

 1025 1030 1035
 Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr
 1040 1045 1050
 Leu Asp Thr Val Lys Lys Val Met Ser Tyr Arg Gln Met Asn Ile
 1055 1060 1065
 Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr
 1070 1075 1080
 Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Ser Arg Lys Thr

 1085 1090 1095

Asn Trp	Asp Pro Met Lys Tyr	Gly Gly Leu Asp Ser	Pro Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Val Val Ile Glu	Tyr Ala Lys Gly Lys	Asn Lys Leu
1115	1120	1125	
Val Phe	Glu Lys Lys Ile Ile	Arg Val Thr Ile Met	Glu Arg Lys
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Ala Phe Leu Glu Glu	Gln Gly Tyr
1145	1150	1155	
Arg Gln	Pro Lys Val Leu Ala	Lys Leu Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Glu Gly Arg Arg	Arg Met Leu Ala Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Ala Gln	Lys Gly Asn Gln Gln	Val Leu Pro Asn His	Leu Val Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	His His Val Ala Asn	Cys Glu Val Ser Asp	Gly Lys Ser
1205	1210	1215	
Leu Asp	Tyr Ile Glu Ser Asn	Arg Glu Met Phe Ala	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala His	Val Ser Glu Phe Ala	Lys Arg Tyr Thr Leu	Ala Glu Ala
1235	1240	1245	
Asn Leu	Asn Lys Ile Asn Gln	Leu Phe Glu Gln Asn	Lys Glu Gly
1250	1255	1260	
Asp Ile	Lys Ala Ile Ala Gln	Ser Phe Val Asp Leu	Met Ala Phe
1265	1270	1275	
Asn Ala	Met Gly Ala Pro Ala	Ser Phe Lys Phe Phe	Glu Thr Thr
1280	1285	1290	
Ile Glu	Arg Lys Arg Tyr Asn	Asn Leu Lys Glu Leu	Leu Asn Ser
1295	1300	1305	
Thr Ile	Ile Tyr Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Ser Arg Lys
1310	1315	1320	
Arg Leu	Asp Asp		
1325			

<210> 251

<211

> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria innocua*

<400> 251

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Ile Ala Gly Asp Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Gln Thr Ala Ala Asp Arg Arg Met

50 55 60

Ala Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Gly Ile Phe Ala Glu Glu Met Ser Lys Thr Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe Cys Arg Leu Ser Asp Ser Phe Tyr Val Asp Asn Glu Lys Arg

100 105 110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Glu Tyr

115 120 125

His Lys Asn Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Gln Asn Thr Ser Val Asp Gly Ile Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Ala Ser Gly Ile Glu Lys Leu Glu Asp Asn Lys Asp

195 200 205

Val Ala Lys Ile Leu Val Glu Lys Val Thr Arg Lys Glu Lys Leu Glu
210 215 220

Arg Ile Leu Lys Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Ala Gly Met Phe Ala
225 230 235 240

Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Pro
245 250 255

Phe Asp Leu Ile Glu Lys Ser Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270

Glu Glu Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Leu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
275 280 285

Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Val Val Leu Ser
290 295 300

Ser Ile Ile Thr Val Ala Glu Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
305 310 315 320

Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Thr His Glu Glu Asp Leu Gly Glu Leu
325 330 335

Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys His Tyr Glu Glu Ile Phe
340 345 350

Ser Asn Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys
355 360 365

Gln Ala Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Met Thr Leu Glu Asn Ile Glu
370 375 380

Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Lys Glu Asn Phe Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
405 410 415

Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Lys Glu Asn Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Leu Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asn Asp Gln Gly Lys Thr Ser Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Glu Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Met Ser His Val Glu Ser Pro

 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ser Ser Tyr Ser Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Val Asn Thr Glu Met Leu Glu Asn Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val

 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Met Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

 690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Thr Thr Ala Asp Lys Asp Ile Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Arg Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp
 850 855 860
 Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe
 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Glu Lys Asp Asp His Gly Asn
 930 935 940
 Thr Met Lys Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser

945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Asp Val Asn Asp			
	965	970	975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
	980	985	990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp			
	995	1000	1005
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys			
1010	1015	1020	
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Asp			
1025	1030	1035	
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr			
1040	1045	1050	
Leu Asp Thr Val Lys Lys Val Met Ser Tyr Arg Gln Met Asn Ile			
1055	1060	1065	
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr			
1070	1075	1080	
Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Ser Arg Lys Thr			
1085	1090	1095	
Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met			
1100	1105	1110	
Ala Tyr Ala Val Val Ile Glu Tyr Ala Lys Gly Lys Asn Lys Leu			
1115	1120	1125	
Val Phe Glu Lys Lys Ile Ile Arg Val Thr Ile Met Glu Arg Lys			
1130	1135	1140	
Ala Phe Glu Lys Asp Glu Lys Ala Phe Leu Glu Glu Gln Gly Tyr			
1145	1150	1155	
Arg Gln Pro Lys Val Leu Ala Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr			
1160	1165	1170	
Glu Cys Glu Glu Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Asn Glu			
1175	1180	1185	

Ala Gln Lys Gly Asn Gln Gln Val Leu Pro Asn His Leu Val Thr

1190 1195 1200

Leu Leu His His Val Ala Asn Cys Glu Val Ser Asp Gly Lys Ser

1205 1210 1215

Leu Asp Tyr Ile Glu Ser Asn Arg Glu Met Phe Ala Glu Leu Leu

1220 1225 1230

Ala His Val Ser Glu Phe Ala Lys Arg Tyr Thr Leu Ala Glu Ala

1235 1240 1245

Asn Leu Asn Lys Ile Asn Gln Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly

1250 1255 1260

Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe

1265 1270 1275

Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Thr Thr

1280 1285 1290

Ile Glu Arg Lys Arg Tyr Asn Asn Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser

1295 1300 1305

Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys

1310 1315 1320

Arg Leu Asp Asp

1325

<210> 252

<211> 1101

<212> PRT

<213> *Listeria innocua*

<400> 252

Leu Lys Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala Gln Phe

1 5 10 15

Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Pro Phe Asp

20 25 30

Leu Ile Glu Lys Ser Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr Glu Glu

35 40 45

Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Leu Ile Gly Asp Glu Tyr Ala Glu Leu
 50 55 60
 Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Val Val Leu Ser Ser Ile
 65 70 75 80
 Ile Thr Val Ala Glu Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala Ser Met
 85 90 95
 Ile Glu Arg Phe Asp Thr His Glu Glu Asp Leu Gly Glu Leu Lys Ala
 100 105 110
 Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys His Tyr Glu Glu Ile Phe Ser Asn
 115 120 125
 Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys Gln Ala
 130 135 140
 Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Thr Thr Leu Glu Asn Ile Glu Gly Ala
 145 150 155 160
 Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Lys Glu Asn Phe Leu Arg Lys Gln
 165 170 175
 Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu Glu Glu
 180 185 190
 Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe Leu Lys
 195 200 205
 Glu Asn Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile Pro Tyr
 210 215 220
 Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp Leu Thr
 225 230 235 240
 Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu Lys Val
 245 250 255
 Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr Asn Lys
 260 265 270
 Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser Leu Cys
 275 280 285
 Tyr Gln Lys Tyr Leu Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg Tyr Ile

290 295 300
 Asn Asp Gln Gly Lys Thr Ser Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys Glu Gln
 305 310 315 320
 Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys Lys Asp
 325 330 335
 Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Met Ser His Val Glu Ser Pro Thr Ile
 340 345 350
 Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ser Ser Tyr Ser Thr Tyr His Asp

 355 360 365
 Leu Leu Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro Val Asn
 370 375 380
 Thr Glu Met Leu Glu Asn Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe Glu Asp
 385 390 395 400
 Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val Leu Asp
 405 410 415
 Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly

 420 425 430
 Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Met Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser His
 435 440 445
 Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg Asn Leu
 450 455 460
 Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile Ile Glu
 465 470 475 480
 Lys Glu Gln Val Thr Thr Ala Asp Lys Asp Ile Gln Ser Ile Val Ala

 485 490 495
 Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu
 500 505 510
 Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro Gln Thr
 515 520 525
 Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys Gly Lys
 530 535 540

Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile Lys Glu

545 550 555 560

Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln Glu Leu

565 570 575

Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met

580 585 590

Tyr Thr Gly Gln Asp Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr Asp Ile

595 600 605

Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn

610 615 620

Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asn Asp Val

625 630 635 640

Pro Pro Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu Lys Leu

645 650 655

Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu Thr Lys

660 665 670

Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe Ile His

675 680 685

Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Asn Ile

690 695 700

Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Gly Lys Asp Asp His Gly Asn Thr Met

705 710 715 720

Lys Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser Gln Phe

725 730 735

Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Gly Val Asn Asp Tyr His

740 745 750

His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr Leu Leu

755 760 765

Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr His

770 775 780

Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Gln Phe

785						790						795						800
Tyr	Thr	Asn	Ile	Met	Leu	Phe	Phe	Ala	Gln	Lys	Asp	Arg	Ile	Ile	Asp			
					805						810						815	
Glu	Asn	Gly	Glu	Ile	Leu	Trp	Asp	Lys	Lys	Tyr	Leu	Asp	Thr	Val	Lys			
					820						825						830	
Lys	Val	Met	Ser	Tyr	Arg	Gln	Met	Asn	Ile	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Ile			
					835						840						845	
Gln	Lys	Gly	Glu	Phe	Ser	Lys	Ala	Thr	Ile	Lys	Pro	Lys	Gly	Asn	Ser			
					850						855						860	
Ser	Lys	Leu	Ile	Pro	Arg	Lys	Thr	Asn	Trp	Asp	Pro	Met	Lys	Tyr	Gly			
					865						870						875	880
Gly	Leu	Asp	Ser	Pro	Asn	Met	Ala	Tyr	Ala	Val	Val	Ile	Glu	Tyr	Ala			
					885						890						895	
Lys	Gly	Lys	Asn	Lys	Leu	Val	Phe	Glu	Lys	Lys	Ile	Ile	Arg	Val	Thr			
					900						905						910	
Ile	Met	Glu	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	Lys	Asp	Glu	Lys	Ala	Phe	Leu	Glu			
					915						920						925	
Glu	Gln	Gly	Tyr	Arg	Gln	Pro	Lys	Val	Leu	Ala	Lys	Leu	Pro	Lys	Tyr			
					930						935						940	
Thr	Leu	Tyr	Glu	Cys	Glu	Glu	Gly	Arg	Arg	Arg	Met	Leu	Ala	Ser	Ala			
					945						950						955	960
Asn	Glu	Ala	Gln	Lys	Gly	Asn	Gln	Gln	Val	Leu	Pro	Asn	His	Leu	Val			
					965						970						975	
Thr	Leu	Leu	His	His	Ala	Ala	Asn	Cys	Glu	Val	Ser	Asp	Gly	Lys	Ser			
					980						985						990	
Leu	Asp	Tyr	Ile	Glu	Ser	Asn	Arg	Glu	Met	Phe	Ala	Glu	Leu	Leu	Ala			
					995						1000						1005	
His	Val	Ser	Glu	Phe	Ala	Lys	Arg	Tyr	Thr	Leu	Ala	Glu	Ala	Asn				
					1010						1015						1020	
Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Gln	Leu	Phe	Glu	Gln	Asn	Lys	Glu	Gly	Asp				
					1025						1030						1035	

Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe Asn
1040 1045 1050

Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Thr Thr Ile

1055 1060 1065

Glu Arg Lys Arg Tyr Asn Asn Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser Thr

1070 1075 1080

Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys Arg

1085 1090 1095

Leu Asp Asp

1100

<210> 253

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria ivanovii*

<400> 253

Met Arg Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asn Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Ser Ala Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Glu Val Ala Ala Gly Arg Arg Met

50 55 60

Asn Arg Thr Thr Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ala

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Ala Glu Met Ala Glu Val Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe Tyr Arg Leu Glu Asp Ser Phe Tyr Ile Glu Ser Glu Lys Arg

100 105 110

His Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Glu Tyr Lys Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Lys Leu Val Asn

130	135	140	
Ser Ser Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Met Leu Asp Thr			
	165	170	175
Lys Asn Thr Ser Val Asp Glu Val Phe Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr			
	180	185	190
Asn Gln Ile Phe Ala Ser Asp Ile Glu Arg Leu Glu Glu Asn Lys Glu			
195	200	205	
Val Ala Glu Ile Leu Ser Glu Lys Leu Thr Arg Arg Glu Lys Leu Asp			
210	215	220	
Lys Ile Leu Lys Leu Tyr Thr Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala			
225	230	235	240
Arg Phe Ile Asn Leu Ile Ile Gly Ser Lys Gly Asp Phe Lys Lys Val			
	245	250	255
Phe Asp Leu Asp Glu Lys Ala Glu Ile Glu Cys Ala Lys Asp Thr Tyr			
	260	265	270
Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Lys Ile Gly Asp Glu Tyr Ala			
275	280	285	
Glu Ile Phe Val Ala Ala Lys Ser Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser			
290	295	300	
Asn Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Lys His Ala Lys Asp Leu Lys Arg Leu			
	325	330	335
Lys Ala Phe Phe Lys Met Gln Leu Pro Glu Lys Phe Asn Glu Val Phe			
340	345	350	
Asn Asp Ile Glu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Thr			
355	360	365	
Gln Glu Lys Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Lys Met Leu Ala Asn Ile Asp			
370	375	380	

Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Asp Gln Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
385 390 395 400

Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Thr Ile Pro His Gln Leu His Leu
405 410 415

Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
420 425 430

Leu Arg Lys Asp Tyr Glu Lys Ile Arg Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
435 440 445

Pro Tyr Phe Ile Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Asp Phe Ala Trp
450 455 460

Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
465 470 475 480

Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Ile Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
485 490 495

Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
500 505 510

Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
515 520 525

Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr His His Phe Ser Gly Gln Glu Lys
530 535 540

Gln Gln Ile Phe Asn Gly Leu Phe Lys Gln Gln Arg Lys Val Lys Lys
545 550 555 560

Lys Asp Leu Glu Arg Phe Leu Tyr Thr Ile Asn His Ile Glu Ser Pro
565 570 575

Thr Ile Glu Gly Val Glu Asp Ala Phe Asn Ser Ser Phe Ala Thr Tyr
580 585 590

His Asp Leu Gln Lys Gly Gly Val Thr Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
595 600 605

Leu Asn Ala Asp Met Leu Glu Glu Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
610 615 620

Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Ser Phe Ser Asp Val

625 630 635 640
 Leu Asp Gly Thr Ile Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655

 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Thr Gly Ile Arg Asp Lys His
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Gly Ile Gln Ser Ile
 705 710 715 720

 Val Ala Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Gly Ile Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys
 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Phe Ile Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780

 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Cys Leu Lys Asn Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr
 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Ile Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845

 Asp Asn Arg Val Leu Val Ser Ser Thr Ala Asn Arg Glu Lys Gly Asp
 850 855 860
 Asn Val Pro Leu Leu Glu Val Val Arg Lys Arg Lys Ala Phe Trp Glu
 865 870 875 880

Lys Leu Tyr Gln Ala Lys Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Asn Phe

900 905 910

Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala

915 920 925

Asn Ile Leu Tyr Gln Arg Phe Asn Cys Lys Gln Asp Glu Asn Gly Asn

930 935 940

Glu Val Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Thr Leu Val Ser

945 950 955 960

Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp

965 970 975

Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr

980 985 990

Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp

995 1000 1005

Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys

1010 1015 1020

Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Arg Phe Phe Ala Lys Glu Asn

1025 1030 1035

Gln Ile Ile Asp Lys Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Asn Arg Tyr

1040 1045 1050

Leu Asp Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr Arg Gln Met Asn Ile

1055 1060 1065

Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Asn Ala Thr

1070 1075 1080

Val Asn Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Ser Arg Lys Ala

1085 1090 1095

Asp Trp Asn Pro Ile Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Gly Ser Asn Met

1100 1105 1110

Ala Tyr Ser Ile Val Ile Glu Tyr Glu Lys Arg Lys Lys Lys Thr

1115	1120	1125
Val Ile Lys Lys Glu Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Val
1130	1135	1140
Ala Phe Glu Lys Asp Gln Lys	Ala Phe Leu Glu Glu	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155
Tyr Ser Pro Lys Val Leu Thr	Lys Ile Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170
Glu Cys Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185
Ala Gln Lys Gly Asn Gln Met	Val Leu Pro Asn His	Leu Met Thr
1190	1195	1200
Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn	Cys Glu Ala Asn Asp	Gly Glu Ser
1205	1210	1215
Leu Ala Tyr Ile Glu Met His	Arg Glu Met Phe Ala	Glu Leu Leu
1220	1225	1230
Ala Tyr Ile Ser Glu Phe Ala	Lys Arg Tyr Thr Leu	Ala Asn Asp
1235	1240	1245
Arg Leu Glu Lys Ile Asn Met	Phe Phe Glu Gln Asn	Lys Lys Gly
1250	1255	1260
Asp Ile Lys Val Ile Ala Lys	Ser Phe Asp Lys Leu	Lys Val Phe
1265	1270	1275
Asn Ala Phe Gly Ala Pro Arg	Asp Phe Glu Phe Phe	Glu Thr Thr
1280	1285	1290
Ile Lys Arg Lys Arg Tyr Tyr	Asn Ile Lys Glu Leu	Leu Asn Ala
1295	1300	1305
Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Ala Arg Lys
1310	1315	1320
Arg Leu Glu Asp		
1325		
<210> 254		
<211> 952		
<212> PRT		

<213> *Listeria ivanovii*

<400> 254

Met Lys Lys Met Leu Ala Asn Ile Asp Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Asp

1 5 10 15
Gln Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn
20 25 30
Gly Thr Ile Pro His Gln Leu His Leu Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu
35 40 45
His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe Leu Arg Lys Asp Tyr Glu Lys
50 55 60
Ile Arg Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Phe Ile Gly Pro Leu

65 70 75 80
Ala Asn Gly Gln Ser Asp Phe Ala Trp Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly
85 90 95
Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser
100 105 110
Ala Ile Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro
115 120 125
Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met

130 135 140
Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys
145 150 155 160
Thr His His Phe Ser Gly Gln Glu Lys Gln Gln Ile Phe Asn Gly Leu
165 170 175
Phe Lys Gln Gln Arg Lys Val Lys Lys Lys Asp Leu Glu Arg Phe Leu
180 185 190
Tyr Thr Ile Asn His Ile Glu Ser Pro Thr Ile Glu Gly Val Glu Asp

195 200 205
Ala Phe Asn Ser Ser Phe Ala Thr Tyr His Asp Leu Gln Lys Gly Gly
210 215 220
Val Thr Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro Leu Asn Ala Asp Met Leu Glu

225 230 235 240
 Glu Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys
 245 250 255
 Glu Gln Leu Gln Ser Phe Ser Asp Val Leu Asp Gly Thr Ile Leu Lys

 260 265 270
 Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys
 275 280 285
 Leu Leu Thr Gly Ile Arg Asp Lys His Ser His Leu Thr Ile Leu Asp
 290 295 300
 Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn
 305 310 315 320
 Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser

 325 330 335
 Thr Ala Asp Lys Gly Ile Gln Ser Ile Val Ala Glu Leu Ala Gly Ser
 340 345 350
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu
 355 360 365
 Leu Val Gly Ile Met Gly Tyr Pro Pro Gln Thr Ile Val Val Glu Met
 370 375 380
 Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro

 385 390 395 400
 Arg Phe Ile Ser Leu Glu Lys Ala Ile Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile
 405 410 415
 Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln Cys Leu Lys Asn Asp Arg Leu
 420 425 430
 Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Met Tyr Thr Gly Lys Glu
 435 440 445
 Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr Asp Ile Asp His Ile Ile Pro

 450 455 460
 Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn Arg Val Leu Val Ser
 465 470 475 480

Ser Thr Ala Asn Arg Glu Lys Gly Asp Asn Val Pro Leu Leu Glu Val
485 490 495

Val Arg Lys Arg Lys Ala Phe Trp Glu Lys Leu Tyr Gln Ala Lys Leu
500 505 510

Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly
515 520 525

Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Asn Phe Ile Gln Arg Gln Leu Val Glu
530 535 540

Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Asn Ile Leu Tyr Gln Arg Phe
545 550 555 560

Asn Cys Lys Gln Asp Glu Asn Gly Asn Glu Val Glu Gln Val Arg Ile
565 570 575

Val Thr Leu Lys Ser Thr Leu Val Ser Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln
580 585 590

Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala
595 600 605

Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln
610 615 620

Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe
625 630 635 640

Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met
645 650 655

Arg Phe Phe Ala Lys Glu Asn Gln Ile Ile Asp Lys Asn Gly Glu Ile
660 665 670

Leu Trp Asp Asn Arg Tyr Leu Asp Thr Ile Lys Lys Val Leu Ser Tyr
675 680 685

Arg Gln Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe
690 695 700

Ser Asn Ala Thr Val Asn Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Ser
705 710 715 720

Arg Lys Ala Asp Trp Asn Pro Ile Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Gly Ser

725 730 735
 Asn Met Ala Tyr Ser Ile Val Ile Glu Tyr Glu Lys Arg Lys Lys Lys
 740 745 750
 Thr Val Ile Lys Lys Glu Leu Ile Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Val
 755 760 765
 Ala Phe Glu Lys Asp Gln Lys Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr Tyr

 770 775 780
 Ser Pro Lys Val Leu Thr Lys Ile Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr Glu Cys
 785 790 795 800
 Glu Asn Gly Arg Arg Arg Met Leu Gly Ser Ala Asn Glu Ala Gln Lys
 805 810 815
 Gly Asn Gln Met Val Leu Pro Asn His Leu Met Thr Leu Leu Tyr His
 820 825 830
 Ala Lys Asn Cys Glu Ala Asn Asp Gly Glu Ser Leu Ala Tyr Ile Glu

 835 840 845
 Met His Arg Glu Met Phe Ala Glu Leu Leu Ala Tyr Ile Ser Glu Phe
 850 855 860
 Ala Lys Arg Tyr Thr Leu Ala Asn Asp Arg Leu Glu Lys Ile Asn Met
 865 870 875 880
 Phe Phe Glu Gln Asn Lys Lys Gly Asp Ile Lys Val Ile Ala Lys Ser
 885 890 895
 Phe Asp Lys Leu Lys Val Phe Asn Ala Phe Gly Ala Pro Arg Asp Phe

 900 905 910
 Glu Phe Phe Glu Thr Thr Ile Lys Arg Lys Arg Tyr Tyr Asn Ile Lys
 915 920 925
 Glu Leu Leu Asn Ala Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr
 930 935 940
 Glu Ala Arg Lys Arg Leu Glu Asp
 945 950
 <210> 255
 <211> 1327
 <212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 255

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30
Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45
Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met

50 55 60
Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

85 90 95
Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg

100 105 110
Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125
His Asp Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Lys Leu Val Asn

130 135 140
Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175
Lys Asn Thr Ser Val Asp Glu Val Tyr Lys Gln Phe Ile Glu Thr Tyr

180 185 190
Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu

195 200 205
Val Ala Asn Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu

210 215 220
Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala

225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr

 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Val Glu Leu

 325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu Asn Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ser Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys
 355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ser Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asp Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480

Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Arg Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Val Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Pro Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Gly Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Glu Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln

725	730	735
Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro		
740	745	750
Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys		
755	760	765
Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile		
770	775	780
Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln		
785	790	795
Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys		
805	810	815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr		
820	825	830
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile		
835	840	845
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly		
850	855	860
Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu		
865	870	875
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu		
885	890	895
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe		
900	905	910
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala		
915	920	925
Asn Ile Leu Tyr Gln Arg Phe Asn Lys Glu Thr Asp Asn His Gly Asn		
930	935	940
Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser		
945	950	955
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Gly		
965	970	975

Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr
 980 985 990
 Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu
 995 1000 1005
 Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu
 1025 1030 1035
 Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr
 1040 1045 1050
 Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile
 1055 1060 1065
 Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr
 1070 1075 1080
 Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu
 1085 1090 1095
 Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met
 1100 1105 1110
 Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Lys Ile
 1115 1120 1125
 Val Ile Glu Lys Lys Leu Ile Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Lys
 1130 1135 1140
 Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr
 1145 1150 1155
 Arg His Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr
 1160 1165 1170
 Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Asn Glu
 1175 1180 1185
 Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser
 1190 1195 1200
 Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser

1205 1210 1215
 Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu
 1220 1225 1230
 Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Arg Tyr Thr Leu Ala Asp Ala
 1235 1240 1245
 Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly
 1250 1255 1260
 Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe

1265 1270 1275
 Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr
 1280 1285 1290
 Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser
 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Asp

1325
 <210> 256

<211

> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 256

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met

50 55 60
 Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg
 100 105 110
 Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Lys Asn Thr Ser Val Asp Glu Val Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Thr Glu
 195 200 205
 Val Ala Ser Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Arg Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Asn Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
 245 250 255
 Phe Asn Leu Val Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Glu Leu Gly Glu Leu

325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys Gln Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Asn Asn Ala Glu Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys
 355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Glu

 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Thr Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Arg Glu Gly Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile

 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Asp Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Arg Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Ile Glu Ser Pro

 565 570 575

Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
580 585 590

His Asp Leu Leu Lys Val Gly Leu Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
595 600 605

Leu Asn Thr Glu Ile Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
610 615 620

Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Glu Gln Phe Ser Asp Val

625 630 635 640

Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
645 650 655

Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
660 665 670

Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
675 680 685

Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
705 710 715 720

Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
725 730 735

Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro
740 745 750

Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

755 760 765

Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
770 775 780

Lys Asp Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
785 790 795 800

Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
805 810 815

Asp Ile Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

820	825	830	
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile			
835	840	845	
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly			
850	855	860	
Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu			
865	870	875	880
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu			
885	890	895	
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe			
900	905	910	
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala			
915	920	925	
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Lys Glu Thr Asp Asn His Gly Asn			
930	935	940	
Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser			
945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp			
965	970	975	
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
980	985	990	
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu			
995	1000	1005	
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys			
1010	1015	1020	
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu			
1025	1030	1035	
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr			
1040	1045	1050	
Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Ile Asn Ile			
1055	1060	1065	

Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr

1070 1075 1080

Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu

1085 1090 1095

Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met

1100 1105 1110

Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Lys Ile

1115 1120 1125

Val Ile Glu Lys Lys Leu Ile Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Lys

1130 1135 1140

Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr

1145 1150 1155

His Gln Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr

1160 1165 1170

Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ser Ser Ala Asn Glu

1175 1180 1185

Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser

1190 1195 1200

Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser

1205 1210 1215

Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu

1220 1225 1230

Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Lys Tyr Thr Leu Ala Asp Ala

1235 1240 1245

Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly

1250 1255 1260

Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe

1265 1270 1275

Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr

1280 1285 1290

Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser

1295 1300 1305
Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys

1310 1315 1320
Arg Leu Asp Asp

1325
<210> 257
<211> 1327
<212> PRT
<213> *Listeria monocytogenes*
<400> 257

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
20 25 30
Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45
Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met
50 55 60
Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn
85 90 95
Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg

100 105 110
Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
130 135 140
Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165	170	175	
Lys Asn Thr Ser Val Asp Glu Val Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Thr Glu			
195	200	205	
Val Ala Ser Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu			
210	215	220	
Arg Ile Leu Arg Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala			
225	230	235	240
Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Asn Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val			
245	250	255	
Phe Asn Leu Val Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr			
260	265	270	
Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala			
275	280	285	
Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser			
290	295	300	
Ser Ile Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala			
305	310	315	320
Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Glu Leu Gly Glu Leu			
325	330	335	
Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys Gln Tyr Gln Glu Ile Phe			
340	345	350	
Asn Asn Ala Glu Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys			
355	360	365	
Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Glu			
370	375	380	
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Thr Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg			
385	390	395	400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Leu His Leu			
405	410	415	

Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430

Leu Arg Glu Gly Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile

435 440 445

Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

450 455 460

Leu Thr Arg Lys Asp Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu

465 470 475 480

Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

485 490 495

Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg

515 520 525

Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Arg Glu Lys

530 535 540

Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys

545 550 555 560

Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Ile Glu Ser Pro

565 570 575

Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr

580 585 590

His Asp Leu Leu Lys Val Gly Leu Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro

595 600 605

Leu Asn Thr Glu Ile Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe

610 615 620

Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Glu Gln Phe Ser Asp Val

625 630 635 640

Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly

645 650 655

Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln

660 665 670
Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg

675 680 685
Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile

705 710 715 720

Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln

725 730 735

Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro

740 745 750

Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

755 760 765

Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile

770 775 780

Lys Asp Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln

785 790 795 800

Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys

805 810 815

Asp Ile Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile

835 840 845

Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly

850 855 860

Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu

865 870 875 880

Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885 890 895

Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe

900 905 910

Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
915 920 925
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Lys Glu Thr Asp Asn His Gly Asn
930 935 940
Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser
945 950 955 960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp
965 970 975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr
980 985 990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu
995 1000 1005
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys
1010 1015 1020
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu
1025 1030 1035
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr
1040 1045 1050
Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Ile Asn Ile
1055 1060 1065
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr
1070 1075 1080
Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu
1085 1090 1095
Asn Trp Asp Pro Val Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met
1100 1105 1110
Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Lys Ile
1115 1120 1125
Val Ile Glu Lys Lys Leu Ile Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Lys
1130 1135 1140
Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr

1145 1150 1155
 His Gln Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr
 1160 1165 1170
 Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ser Ser Ala Asn Glu

1175 1180 1185
 Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser
 1190 1195 1200
 Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser
 1205 1210 1215
 Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu
 1220 1225 1230
 Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Lys Tyr Thr Leu Ala Asp Ala

1235 1240 1245
 Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly
 1250 1255 1260
 Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe
 1265 1270 1275
 Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr
 1280 1285 1290
 Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser

1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Asp

1325
 <210> 258

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 258

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Ile Ser Gly Asp Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Lys Gly Glu Thr Ala Ala Lys Arg Arg Met

50 55 60

Ser Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Ile Gln Met Asn Glu Val Asp Asp Asn

85 90 95

Phe Phe Asn Arg Leu Lys Glu Ser Phe Tyr Ala Glu Ser Asp Lys Lys

100 105 110

Tyr Asn Arg His Pro Phe Phe Gly Thr Val Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

Tyr Lys Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ile Asp

130 135 140

Ser Gln Lys Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Lys Asn Thr Ser Ile Asp Glu Met Phe Lys Gln Phe Leu Gln Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Ala Asn Asp Ile Glu Lys Thr Glu Lys Asn Gln Glu

195 200 205

Val Ala Gln Ile Leu Ala Glu Lys Phe Thr Arg Lys Asp Lys Leu Asp

210 215 220

Lys Ile Leu Ser Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Thr Thr Gly Val Phe Ala

225 230 235 240

Gln Phe Val Asn Ile Ile Val Gly Ser Thr Gly Lys Phe Lys Lys His

245 250 255

Phe Asn Leu His Glu Lys Lys Asp Ile Asn Cys Ala Glu Asp Thr Tyr

260 265 270
Asp Thr Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Phe Ala

275 280 285
Glu Val Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

290 295 300
Asn Ile Ile Thr Val Thr Asp Ser Thr Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala

305 310 315 320
Ser Leu Ile Glu Arg Phe Glu Asn His Lys Glu Asp Leu Lys Lys Met

325 330 335
Lys Arg Phe Val Arg Thr Tyr Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Ile Phe

340 345 350
Asp Asp Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ser Gly Thr Lys

355 360 365
Gln Ala Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Ala Thr Leu Glu Lys Ile Glu

370 375 380
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Leu His Leu

405 410 415
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu

465 470 475 480
Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

485 490 495
Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn Gln Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Thr Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn Lys

755 760 765
Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile

770 775 780
Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln

785 790 795 800
Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys

805 810 815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

820 825 830
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Val

835 840 845
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp

850 855 860
Asn Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Ile Phe Trp Glu

865 870 875 880
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885 890 895
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe

900 905 910
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala

915 920 925
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Lys Thr Asp Gly Asn Lys Asp

930 935 940
Thr Met Glu Thr Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser

945 950 955 960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp

965 970 975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr

980 985 990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu

995 1000 1005

Tyr His	Gln Phe Gly Trp Phe	Lys Ala Asn Lys Ala	Thr Ala Lys
1010	1015	1020	
Lys Gln	Phe Tyr Thr Asn Ile	Met Leu Phe Phe Ala	Gln Lys Asp
1025	1030	1035	
Arg Ile	Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Arg Tyr
1040	1045	1050	
Leu Glu	Thr Val Lys Lys Val	Leu Gly Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065	
Val Lys	Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Asn Val Thr
1070	1075	1080	
Pro Asn	Pro Lys Gly Lys Ser	Asn Lys Leu Ile Pro	Arg Lys Lys
1085	1090	1095	
Asp Trp	Asp Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Gly	Ser Lys Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Ile Ile Ile Glu	Tyr Glu Lys Gln Lys	Arg Lys Val
1115	1120	1125	
Arg Ile	Glu Lys Lys Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Glu
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Thr Phe Leu Glu Glu	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155	
His Gln	Pro Lys Val Leu Ile	Lys Val Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Lys Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Ala His	Lys Gly Asn Gln Met	Leu Leu Pro Asn His	Leu Met Ala
1190	1195	1200	
Leu Leu	Tyr His Ala Glu Lys	Tyr Glu Ala Ile Asp	Gly Glu Ser
1205	1210	1215	
Leu Ala	Tyr Ile Glu Val His	Arg Ala Leu Phe Asp	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala Tyr	Ile Ser Glu Phe Ala	Arg Lys Tyr Thr Leu	Ser Asn Asp

1235 1240 1245
 Arg Leu Asp Glu Ile Asn Met Leu Tyr Glu Arg Asn Lys Asp Gly
 1250 1255 1260
 Asp Val Lys Ser Ile Ala Glu Ser Phe Val Ser Leu Lys Lys Phe
 1265 1270 1275
 Asn Ala Phe Gly Val His Gln Asp Phe Ser Phe Phe Gly Thr Lys

1280 1285 1290
 Ile Glu Arg Lys Arg Asp Arg Lys Leu Asn Glu Leu Leu Asn Ser
 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320

Arg Leu Asp Asn

1325

<210> 259

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 259

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Glu Gly Glu Thr Ala Ala Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Leu Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg
 100 105 110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Lys Gln Phe Ile Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Ile Ser Asn Ile Glu Lys Met Glu Glu Asn Thr Thr
 195 200 205
 Val Ala Asp Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Lys Glu Lys Leu Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
 245 250 255
 Phe Asp Leu Val Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Ser Glu Leu
 325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ser Asn Val Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Leu Leu Glu Asn Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg

 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Ala Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Asp Phe Ala Trp

 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Tyr Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg

 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Tyr Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Ser Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Gln Phe Leu Arg Asn Met Ser His Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ser Ser Tyr Ala Thr Tyr

 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Val Leu Glu Asn Pro
 595 600 605

Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Ala Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Val Lys
 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Arg Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr
 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp

850 855 860
 Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Phe Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu
 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Thr Phe

 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Asn Glu Thr Asp Asn His Gly Asn
 930 935 940
 Asn Met Glu Gln Val Arg Ile Val Met Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser
 945 950 955 960
 Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp

 965 970 975
 Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr
 980 985 990
 Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu
 995 1000 1005
 Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu

 1025 1030 1035
 Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr
 1040 1045 1050
 Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile
 1055 1060 1065
 Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr
 1070 1075 1080
 Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu

 1085 1090 1095

Asn Trp	Asp Pro Met Lys Tyr	Gly Gly Leu Asp Ser	Pro Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Val Ile Ile Glu	His Ala Lys Gly Lys	Lys Lys Val
1115	1120	1125	
Val Phe	Glu Lys Lys Ile Ile	Arg Ile Thr Ile Met	Glu Arg Lys
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Ser Phe Leu Glu Lys	Gln Gly Tyr
1145	1150	1155	
Arg Gln	Pro Lys Val Leu Thr	Lys Leu Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Ala Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Ala Gln	Lys Gly Asn Gln Gln	Val Leu Lys Gly Gln	Leu Ile Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	His His Ala Lys Asn	Cys Glu Ala Ser Asp	Gly Lys Ser
1205	1210	1215	
Leu Asp	Tyr Ile Glu Ser Asn	Arg Glu Met Phe Gly	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala His	Val Ser Glu Phe Ala	Lys Arg Tyr Thr Leu	Ala Asp Ala
1235	1240	1245	
Asn Leu	Ser Lys Ile Asn Gln	Leu Phe Glu Gln Asn	Lys Asp Asn
1250	1255	1260	
Asp Ile	Lys Val Ile Ala Gln	Ser Phe Val Asn Leu	Met Ala Phe
1265	1270	1275	
Asn Ala	Met Gly Ala Pro Ala	Ser Phe Lys Phe Phe	Glu Ala Thr
1280	1285	1290	
Ile Glu	Arg Lys Arg Tyr Thr	Asn Leu Lys Glu Leu	Leu Ser Ala
1295	1300	1305	
Thr Ile	Ile Tyr Gln Ser Ile	Thr Gly Leu Tyr Glu	Ala Arg Lys
1310	1315	1320	
Arg Leu	Asp Gly		
1325			

<210> 260

<211

> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 260

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met

50 55 60

Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg

100 105 110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu

195 200 205

Val Ala Asn Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu
210 215 220
Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala
225 230 235 240
Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
245 250 255
Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
260 265 270
Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
275 280 285
Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
290 295 300
Ser Ile Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
305 310 315 320
Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Gly Glu Leu
325 330 335
Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys Gln Tyr Gln Glu Ile Phe
340 345 350
Asn Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys
355 360 365
Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu
370 375 380
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
405 410 415
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
435 440 445
Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Ile Glu Ser Pro

 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Pro Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val

 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Gly Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Glu Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

 690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly
 850 855 860
 Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Ala Asp Lys Ala Arg Phe
 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Asn Glu Thr Asp Asn His Gly Asn
 930 935 940
 Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser

945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp			
	965	970	975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
	980	985	990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu			
	995	1000	1005
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys			
1010	1015	1020	
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Gly Gln Lys Glu			
1025	1030	1035	
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr			
1040	1045	1050	
Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile			
1055	1060	1065	
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr			
1070	1075	1080	
Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu			
1085	1090	1095	
Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met			
1100	1105	1110	
Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Lys Leu			
1115	1120	1125	
Ile Phe Glu Lys Lys Ile Ile Arg Ile Thr Ile Met Glu Arg Lys			
1130	1135	1140	
Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr			
1145	1150	1155	
Arg His Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr			
1160	1165	1170	
Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Asn Glu			
1175	1180	1185	

Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser

1190 1195 1200

Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser

1205 1210 1215

Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu

1220 1225 1230

Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Arg Tyr Thr Leu Ala Asp Ala

1235 1240 1245

Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly

1250 1255 1260

Asp Ile Gln Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe

1265 1270 1275

Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr

1280 1285 1290

Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser

1295 1300 1305

Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys

1310 1315 1320

Arg Leu Asp Asp

1325

<210> 261

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 261

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg
 100 105 110
 Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Leu Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu
 195 200 205
 Val Ala Asn Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Val Glu Leu
 325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu Asn Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ser Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

 355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Thr Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540

Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys

545 550 555 560

Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Val Glu Ser Pro

565 570 575

Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr

580 585 590

His Asp Leu Met Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro

595 600 605

Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe

610 615 620

Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val

625 630 635 640

Leu Asp Gly Thr Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly

645 650 655

Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln

660 665 670

Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg

675 680 685

Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

690 695 700

Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile

705 710 715 720

Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln

725 730 735

Ser Leu Lys Val Val Glu Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro

740 745 750

Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn Lys

755 760 765

Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile

770 775 780

Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln

785	790								795								800							
Glu	Leu	Lys	Asn	Asn	Arg	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Gln	Asn	Gly	Lys									
				805				810				815												
Asp	Met	Tyr	Thr	Gly	Gln	Glu	Leu	Asp	Ile	His	Asn	Leu	Ser	Asn	Tyr									
				820				825				830												
Asp	Ile	Asp	His	Ile	Val	Pro	Gln	Ser	Phe	Ile	Thr	Asp	Asn	Ser	Ile									
				835				840				845												
Asp	Asn	Leu	Val	Leu	Thr	Ser	Ser	Ala	Gly	Asn	Arg	Glu	Lys	Gly	Asp									
				850				855				860												
Asn	Val	Pro	Pro	Leu	Glu	Ile	Val	Gln	Lys	Arg	Lys	Ile	Phe	Trp	Glu									
865				870				875				880												
Lys	Leu	Tyr	Gln	Gly	Asn	Leu	Met	Ser	Lys	Arg	Lys	Phe	Asp	Tyr	Leu									
				885				890				895												
Thr	Lys	Ala	Glu	Arg	Gly	Gly	Leu	Thr	Glu	Ala	Asp	Lys	Ala	Arg	Phe									
				900				905				910												
Ile	His	Arg	Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Arg	Gln	Ile	Thr	Lys	Asn	Val	Ala									
				915				920				925												
Asn	Ile	Leu	His	Gln	Arg	Phe	Asn	Tyr	Lys	Thr	Asp	Asp	Asn	Glu	Asp									
930				935				940																
Thr	Met	Glu	Pro	Val	Arg	Ile	Val	Thr	Leu	Lys	Ser	Ala	Leu	Val	Ser									
945				950				955				960												
Gln	Phe	Arg	Lys	Gln	Phe	Gln	Leu	Tyr	Lys	Val	Arg	Glu	Val	Asn	Asp									
				965				970				975												
Tyr	His	His	Ala	His	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Gly	Val	Val	Ala	Asn	Thr									
				980				985				990												
Leu	Leu	Lys	Val	Tyr	Pro	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu	Phe	Val	Tyr	Gly	Glu									
995				1000				1005																
Tyr	His	Gln	Phe	Asp	Trp	Phe	Lys	Ala	Asn	Lys	Ala	Thr	Ala	Lys										
1010				1015				1020																
Lys	Gln	Phe	Tyr	Thr	Asn	Ile	Met	Leu	Phe	Phe	Ala	Gln	Lys	Glu										
1025				1030				1035																

Arg Ile	Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Lys Tyr
1040	1045	1050	
Leu Glu	Thr Ile Lys Lys Val	Leu Asn Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065	
Val Lys	Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Asn Gln Asn
1070	1075	1080	
Pro Lys	Pro Arg Gly Asp Ser	Ser Lys Leu Ile Pro	Lys Lys Thr
1085	1090	1095	
Asn Leu	Asn Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Glu Gly	Ser Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Ile Ile Ile Glu	His Glu Lys Arg Lys	Lys Lys Val
1115	1120	1125	
Thr Ile	Glu Lys Lys Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Lys
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Val Phe Leu Glu Gly	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155	
His Gln	Pro Lys Val Leu Thr	Lys Leu Pro Lys Tyr	Ala Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Val His	Lys Gly Asn Gln Met	Leu Leu Pro Asn His	Leu Met Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	Tyr His Ala Glu Lys	Arg Glu Ala Ile Asp	Gly Glu Ser
1205	1210	1215	
Leu Ala	Tyr Ile Glu Ala His	Lys Ala Val Phe Gly	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala His	Ile Ser Glu Phe Ala	Arg Lys Tyr Thr Leu	Ala Asn Asp
1235	1240	1245	
Lys Leu	Asp Glu Ile Asn Met	Leu Tyr Glu Arg Asn	Lys Asp Gly
1250	1255	1260	
Asp Val	Lys Ser Ile Ala Glu	Ser Phe Val Ser Leu	Lys Lys Phe

1265 1270 1275
 Asn Ala Phe Gly Val His Lys Asp Phe Asn Phe Phe Gly Thr Thr
 1280 1285 1290
 Ile Lys Arg Lys Arg Asp Arg Lys Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser

 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Ser
 1325
 <210> 262
 <211> 1327
 <212> PRT
 <213> *Listeria monocytogenes*
 <400> 262
 Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

 85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg
 100 105 110
 Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu

195 200 205

Val Ala Asn Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu

210 215 220

Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala

225 230 235 240

Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val

245 250 255

Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270

Glu Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala

275 280 285

Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

290 295 300

Ser Ile Ile Thr Val Asn Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala

305 310 315 320

Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Val Glu Leu

325 330 335

Lys Ala Phe Ile Lys Leu Asn Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe

340 345 350

Ser Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

355 360 365

Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu

370 375 380

Gly Ser Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg

385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu

 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Thr Phe
 420 425 430
 Leu Lys Glu Asp Tyr Asp Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu

 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys

 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn Gln Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro

 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640

Leu Asp Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Glu Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Glu Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys
 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr
 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly
 850 855 860
 Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885	890	895	
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe			
900	905	910	
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala			
915	920	925	
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Lys Glu Thr Asp Asn His Gly Asn			
930	935	940	
Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser			
945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp			
965	970	975	
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
980	985	990	
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu			
995	1000	1005	
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys			
1010	1015	1020	
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu			
1025	1030	1035	
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr			
1040	1045	1050	
Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile			
1055	1060	1065	
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr			
1070	1075	1080	
Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu			
1085	1090	1095	
Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met			
1100	1105	1110	
Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Arg Ile			
1115	1120	1125	

Val Ile Glu Lys Lys Leu Ile Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Lys		
1130	1135	1140
Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr		
1145	1150	1155
Arg His Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr		
1160	1165	1170
Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Asn Glu		
1175	1180	1185
Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser		
1190	1195	1200
Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser		
1205	1210	1215
Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu		
1220	1225	1230
Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Arg Tyr Thr Leu Ala Asp Ala		
1235	1240	1245
Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly		
1250	1255	1260
Asp Ile Lys Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe		
1265	1270	1275
Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr		
1280	1285	1290
Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser		
1295	1300	1305
Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys		
1310	1315	1320
Arg Leu Asp Asp		
1325		
<210> 263		
<211> 1327		
<212> PRT		
<213> <i>Listeria monocytogenes</i>		

<400> 263

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Ile Ser Gly Asp Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Glu Lys Gly Glu Thr Ala Ala Lys Arg Arg Met

50 55 60

Ser Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Ile Gln Met Asn Glu Val Asp Asp Asn

85 90 95

Phe Phe Asn Arg Leu Lys Glu Ser Phe Tyr Ala Glu Ser Asp Lys Lys

100 105 110

Tyr Asn Arg His Pro Phe Phe Gly Thr Val Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

Tyr Lys Asp Phe Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Ile Asp

130 135 140

Ser Gln Lys Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Lys Asn Thr Ser Ile Asp Glu Met Phe Lys Gln Phe Leu Gln Ile Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Ala Asn Asp Ile Glu Lys Thr Glu Lys Asn Gln Glu

195 200 205

Val Ala Gln Ile Leu Ala Glu Lys Phe Thr Arg Lys Asp Lys Leu Asp

210 215 220

Lys Ile Leu Ser Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Thr Thr Gly Val Phe Ala

225 230 235 240

Gln Phe Val Asn Ile Ile Val Gly Ser Thr Gly Lys Phe Lys Lys His
245 250 255
Phe Asn Leu His Glu Lys Lys Asp Ile Asn Cys Ala Glu Asp Thr Tyr
260 265 270
Asp Thr Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Phe Ala
275 280 285
Glu Val Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
290 295 300
Asn Ile Ile Thr Val Thr Asp Ser Thr Thr Arg Ala Lys Leu Ser Ala
305 310 315 320
Ser Leu Ile Glu Arg Phe Glu Asn His Lys Glu Asp Leu Lys Lys Met
325 330 335
Lys Arg Phe Val Arg Thr Tyr Leu Pro Glu Lys Tyr Asp Glu Ile Phe
340 345 350
Asp Asp Thr Glu Lys His Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Ser Gly Thr Lys
355 360 365
Gln Ala Asp Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Ala Thr Leu Glu Lys Ile Glu
370 375 380
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Pro His Gln Leu His Leu
405 410 415
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
420 425 430
Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
435 440 445
Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
450 455 460
Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
465 470 475 480
Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg

 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn Gln Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr

 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Thr Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly

 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile

 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735

Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn Lys
 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr
 820 825 830
 Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Val
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp
 850 855 860
 Asn Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Ile Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu
 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe
 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Lys Thr Asp Gly Asn Lys Asp
 930 935 940
 Thr Met Glu Thr Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser
 945 950 955 960
 Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp
 965 970 975
 Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr

980	985	990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu	Glu Pro Glu Phe Val	Tyr Gly Glu
995	1000	1005
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe	Lys Ala Asn Lys Ala	Thr Ala Lys
1010	1015	1020
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile	Met Leu Phe Phe Ala	Gln Lys Asp
1025	1030	1035
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Arg Tyr
1040	1045	1050
Leu Glu Thr Val Lys Lys Val	Leu Gly Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Asn Val Thr
1070	1075	1080
Pro Asn Pro Lys Gly Lys Ser	Asn Lys Leu Ile Pro	Arg Lys Lys
1085	1090	1095
Asp Trp Asp Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Gly	Ser Lys Met
1100	1105	1110
Ala Tyr Ala Ile Ile Ile Glu	Tyr Glu Lys Gln Lys	Arg Lys Val
1115	1120	1125
Arg Ile Glu Lys Lys Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Glu
1130	1135	1140
Ala Phe Glu Lys Asp Glu Lys	Thr Phe Leu Glu Glu	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155
His Gln Pro Lys Val Leu Ile	Lys Val Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170
Glu Cys Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185
Ala His Lys Gly Asn Gln Met	Leu Leu Pro Asn His	Leu Met Ala
1190	1195	1200
Leu Leu Tyr His Ala Glu Lys	Tyr Glu Ala Ile Asp	Gly Glu Ser
1205	1210	1215

Leu Ala Tyr Ile Glu Val His Arg Ala Leu Phe Asp Glu Leu Leu
 1220 1225 1230
 Ala Tyr Ile Ser Glu Phe Ala Arg Lys Tyr Thr Leu Ser Asn Asp
 1235 1240 1245
 Arg Leu Asp Glu Ile Asn Met Leu Tyr Glu Arg Asn Lys Asp Gly
 1250 1255 1260
 Asp Val Lys Ser Ile Ala Glu Ser Phe Val Ser Leu Lys Lys Phe
 1265 1270 1275
 Asn Ala Phe Gly Val His Gln Asp Phe Ser Phe Phe Gly Thr Lys
 1280 1285 1290
 Ile Glu Arg Lys Arg Asp Arg Lys Leu Asn Glu Leu Leu Asn Ser
 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Asn
 1325
 <210> 264
 <211
 > 1327
 <212> PRT
 <213> *Listeria monocytogenes*
 <400> 264
 Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met
 50 55 60
 Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

85 90 95
 Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg
 100 105 110
 Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

 115 120 125
 His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr
 165 170 175
 Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Gln Thr Tyr

 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu
 195 200 205
 Val Ala Asn Ile Leu Ala Arg Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val

 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser
 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala

 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Val Glu Leu
 325 330 335

Lys Ala Phe Ile Lys Leu Asn Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe
 340 345 350
 Ser Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys
 355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe
 420 425 430
 Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Val Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr

580 585 590
 His Asp Leu Met Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val

 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Thr Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Val Val Glu Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn Lys

 755 760 765
 Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile
 770 775 780
 Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln
 785 790 795 800
 Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys
 805 810 815
 Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

 820 825 830

Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile
 835 840 845
 Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp
 850 855 860
 Asn Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Ile Phe Trp Glu
 865 870 875 880
 Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu
 885 890 895
 Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe
 900 905 910
 Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala
 915 920 925
 Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Lys Thr Asp Asp Asn Glu Asp
 930 935 940
 Thr Met Glu Pro Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser
 945 950 955 960
 Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp
 965 970 975
 Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr
 980 985 990
 Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu
 995 1000 1005
 Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys
 1010 1015 1020
 Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu
 1025 1030 1035
 Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr
 1040 1045 1050
 Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asn Tyr Arg Gln Met Asn Ile
 1055 1060 1065
 Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Asn Gln Asn

1070	1075	1080
Pro Lys	Pro Arg Gly Asp Ser	Ser Lys Leu Ile Pro Lys Lys Thr
1085	1090	1095
Asn Leu	Asn Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Glu Gly Ser Asn Met
1100	1105	1110
Ala Tyr	Ala Ile Ile Ile Glu	His Glu Lys Arg Lys Lys Lys Val
1115	1120	1125
Thr Ile	Glu Lys Lys Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met Glu Arg Lys

1130	1135	1140
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Val Phe Leu Glu Gly Lys Gly Tyr
1145	1150	1155
His Gln	Pro Lys Val Leu Thr	Lys Leu Pro Lys Tyr Ala Leu Tyr
1160	1165	1170
Glu Cys	Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser Ala Asn Glu
1175	1180	1185
Val His	Lys Gly Asn Gln Met	Leu Leu Pro Asn His Leu Met Thr

1190	1195	1200
Leu Leu	Tyr His Ala Glu Lys	Arg Glu Ala Ile Asp Gly Glu Ser
1205	1210	1215
Leu Ala	Tyr Ile Glu Ala His	Lys Ala Val Phe Gly Glu Leu Leu
1220	1225	1230
Ala His	Ile Ser Glu Phe Ala	Arg Lys Tyr Thr Leu Ala Asn Asp
1235	1240	1245
Lys Leu	Asp Glu Ile Asn Met	Leu Tyr Glu Arg Asn Lys Asp Gly

1250	1255	1260
Asp Val	Lys Ser Ile Ala Glu	Ser Phe Val Ser Leu Lys Lys Phe
1265	1270	1275
Asn Ala	Phe Gly Val His Lys	Asp Phe Asn Phe Phe Gly Thr Thr
1280	1285	1290
Ile Lys	Arg Lys Arg Asp Arg	Lys Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser
1295	1300	1305

Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys

1310

1315

1320

Arg Leu Asp Ser

1325

<210> 265

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<400> 265

Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35

40

45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met

50 55 60

Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg

100

105

110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165

170

175

Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Gln Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu
 195 200 205
 Val Ala Asn Ile Leu Ala Gly Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu
 210 215 220
 Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala

 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val
 245 250 255
 Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr
 260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Ala Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Gly Glu Leu
 325 330 335
 Lys Ala Phe Ile Lys Leu His Leu Pro Lys Gln Tyr Gln Glu Ile Phe
 340 345 350
 Asn Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

 355 360 365
 Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430
 Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510
 Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys

 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Ile Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe

 610 615 620
 Glu Asp Lys Pro Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Gly Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Glu Lys Gln
 660 665 670

Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg

675 680 685
Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile

690 695 700
Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile

705 710 715 720
Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln

725 730 735
Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro

740 745 750
Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

755 760 765
Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile

770 775 780
Lys Glu Phe Gly Ser Lys Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln

785 790 795 800
Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys

805 810 815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

820 825 830
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile

835 840 845
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Gly

850 855 860
Asp Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu

865 870 875 880
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885 890 895
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Asp Ala Asp Lys Ala Arg Phe

900 905 910
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala

915	920	925	
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Asn Glu Thr Asp Asn His Gly Asn			
930	935	940	
Thr Met Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser			
945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp			
965	970	975	
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr			
980	985	990	
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu			
995	1000	1005	
Tyr His Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys			
1010	1015	1020	
Lys Gln Phe Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Gly Gln Lys Glu			
1025	1030	1035	
Arg Ile Ile Asp Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr			
1040	1045	1050	
Leu Glu Thr Ile Lys Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile			
1055	1060	1065	
Val Lys Lys Thr Glu Ile Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr			
1070	1075	1080	
Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu			
1085	1090	1095	
Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met			
1100	1105	1110	
Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala Lys Gly Lys Lys Lys Leu			
1115	1120	1125	
Ile Phe Glu Lys Lys Ile Ile Arg Ile Thr Ile Met Glu Arg Lys			
1130	1135	1140	
Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu Glu Lys Gly Tyr			
1145	1150	1155	

Arg His Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr Thr Leu Tyr
1160 1165 1170
Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala Asn Glu
1175 1180 1185
Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val Ser
1190 1195 1200
Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser
1205 1210 1215
Leu Lys Tyr Ile Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu
1220 1225 1230
Ala Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Arg Tyr Thr Leu Ala Asp Ala
1235 1240 1245
Asn Leu Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly
1250 1255 1260
Asp Ile Gln Ala Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Ala Phe
1265 1270 1275
Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr
1280 1285 1290
Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser
1295 1300 1305
Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
1310 1315 1320
Arg Leu Asp Asp
1325
<210> 266
<211> 1327
<212> PRT
<213> *Listeria monocytogenes*
<400> 266
Met Lys Asn Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met

20 25 30

Lys Val Ala Gly Asn Ser Asp Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Phe Trp

35 40 45

Gly Val Arg Leu Phe Asp Asp Gly Gln Thr Ala Val Asp Arg Arg Met

50 55 60

Asn Arg Thr Ala Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ala Val Glu Met Ala Asn Ile Asp Ala Asn

85 90 95

Phe Phe Cys Arg Leu Asn Asp Ser Phe Tyr Val Asp Ser Glu Lys Arg

100 105 110

Asn Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Lys Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Glu Leu Val Asn

130 135 140

Ser Ser Glu Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Ala Leu Asp Thr

165 170 175

Lys Asn Thr Ser Val Asp Gly Val Tyr Glu Gln Phe Ile Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Val Phe Met Ser Asn Ile Glu Lys Val Glu Glu Asn Ile Glu

195 200 205

Val Ala Asn Ile Leu Ala Arg Lys Phe Thr Arg Arg Glu Lys Phe Glu

210 215 220

Arg Ile Leu Gln Leu Tyr Pro Gly Glu Lys Ser Thr Gly Met Phe Ala

225 230 235 240

Gln Phe Ile Ser Leu Ile Val Gly Ser Lys Gly Asn Phe Gln Lys Val

245 250 255

Phe Asp Leu Ile Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270
Glu Glu Asp Leu Glu Thr Leu Leu Ala Ile Ile Gly Asp Glu Tyr Ala

275 280 285
Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Asn Thr Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

290 295 300
Ser Ile Ile Thr Val Thr Asp Thr Glu Thr Asn Ala Lys Leu Ser Ala

305 310 315 320
Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Ala His Glu Lys Asp Leu Val Glu Leu

325 330 335
Lys Ala Phe Ile Lys Leu Asn Leu Pro Lys Gln Tyr Glu Glu Ile Phe

340 345 350
Ser Asn Ala Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Thr Lys

355 360 365
Gln Val Asp Phe Tyr Lys Tyr Leu Lys Thr Ile Leu Glu Asn Ile Glu

370 375 380
Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Ala Lys Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg

385 390 395 400
Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu

405 410 415
Glu Glu Leu Glu Ala Ile Ile His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

420 425 430
Leu Arg Glu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile

435 440 445
Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gln Ser Glu Phe Ala Trp

450 455 460
Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu

465 470 475 480
Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Val Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

485 490 495
Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser

500 505 510

Leu Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
 515 520 525
 Tyr Ile Asp Asp Gln Gly Lys Thr Asn Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
 530 535 540
 Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
 545 550 555 560
 Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn His Val Glu Ser Pro
 565 570 575
 Thr Ile Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr
 580 585 590
 His Asp Leu Met Lys Val Gly Ile Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro
 595 600 605
 Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe
 610 615 620
 Glu Asp Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val
 625 630 635 640
 Leu Asp Gly Thr Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln
 660 665 670
 Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg
 675 680 685
 Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
 690 695 700
 Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile
 705 710 715 720
 Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
 725 730 735
 Ser Leu Lys Val Val Glu Glu Leu Val Ser Val Met Gly Tyr Pro Pro
 740 745 750
 Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Asn Lys

755 760 765
Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile

770 775 780
Lys Glu Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln

785 790 795 800
Glu Leu Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys

805 810 815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr

820 825 830
Asp Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile

835 840 845
Asp Asn Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp

850 855 860
Asn Val Pro Pro Leu Glu Ile Val Gln Lys Arg Lys Ile Phe Trp Glu

865 870 875 880
Lys Leu Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu

885 890 895
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe

900 905 910
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala

915 920 925
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Tyr Lys Thr Asp Asp Asn Glu Asp

930 935 940
Thr Met Glu Pro Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser

945 950 955 960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp

965 970 975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr

980 985 990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu

995 1000 1005

Tyr His	Gln Phe Asp Trp Phe	Lys Ala Asn Lys Ala	Thr Ala Lys
1010	1015	1020	
Lys Gln	Phe Tyr Thr Asn Ile	Met Leu Phe Phe Ala	Gln Lys Glu
1025	1030	1035	
Arg Ile	Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Lys Tyr
1040	1045	1050	
Leu Glu	Thr Ile Lys Lys Val	Leu Asn Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065	
Val Lys	Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Asn Gln Asn
1070	1075	1080	
Pro Lys	Pro Arg Gly Asp Ser	Ser Lys Leu Ile Pro	Lys Lys Thr
1085	1090	1095	
Asn Leu	Asn Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Glu Gly	Ser Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Ile Ile Ile Glu	His Glu Lys Arg Lys	Lys Lys Val
1115	1120	1125	
Thr Ile	Glu Lys Lys Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Lys
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Glu Lys	Val Phe Leu Glu Gly	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155	
His Gln	Pro Lys Val Leu Thr	Lys Leu Pro Lys Tyr	Ala Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Val His	Lys Gly Asn Gln Met	Leu Leu Pro Asn His	Leu Met Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	Tyr His Ala Glu Lys	Arg Glu Ala Ile Asp	Gly Glu Ser
1205	1210	1215	
Leu Ala	Tyr Ile Glu Ala His	Lys Ala Val Phe Gly	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Ala His	Ile Ser Glu Phe Ala	Arg Lys Tyr Thr Leu	Ala Asn Asp

1235 1240 1245
 Lys Leu Asp Glu Ile Asn Met Leu Tyr Glu Arg Asn Lys Asp Gly
 1250 1255 1260
 Asp Val Lys Ser Ile Ala Glu Ser Phe Val Ser Leu Lys Lys Phe
 1265 1270 1275
 Asn Ala Phe Gly Val His Lys Asp Phe Asn Phe Phe Gly Thr Thr

1280 1285 1290
 Ile Lys Arg Lys Arg Asp Arg Lys Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ser
 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Ser

1325

<210> 267

<211> 781

<212> PRT

<213> *Listeria monocytogenes*

<220><221> misc_feature

<222> (721)..(721)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 267

Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys Lys Asp
 1 5 10 15
 Leu Glu Leu Phe Leu Arg Asn Ile Asn Gln Ile Glu Ser Pro Thr Ile
 20 25 30
 Glu Gly Leu Glu Asp Ser Phe Asn Ala Ser Tyr Ala Thr Tyr His Asp
 35 40 45
 Leu Leu Lys Val Gly Met Lys Gln Glu Ile Leu Asp Asn Pro Leu Asn
 50 55 60

Thr Glu Met Leu Glu Asp Ile Val Lys Ile Leu Thr Val Phe Glu Asp
 65 70 75 80
 Lys Arg Met Ile Lys Glu Gln Leu Gln Gln Phe Ser Asp Val Leu Asp

85	90	95	
Gly Val Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly Trp Gly			
100	105	110	
Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Val Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser His			
115	120	125	
Leu Thr Ile Leu Glu Tyr Leu Met Asp Asp Gly Leu Asn Arg Asn Leu			
130	135	140	
Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile Ile Glu			
145	150	155	160
Lys Glu Gln Val Ser Thr Thr Asp Lys Asp Leu Gln Ser Ile Val Ala			
165	170	175	
Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Ser Leu			
180	185	190	
Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Ser Ile Met Gly Tyr Pro Pro Gln Thr			
195	200	205	
Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Val Lys Gly Lys			
210	215	220	
Asn Asn Ser Arg Pro Arg Tyr Lys Ser Leu Glu Lys Ala Ile Lys Glu			
225	230	235	240
Phe Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln Glu Leu			
245	250	255	
Lys Asn Asn Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys Asp Ile			
260	265	270	
Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr Asp Ile			
275	280	285	
Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile Asp Asn			
290	295	300	
Leu Val Leu Thr Ser Ser Ala Gly Asn Arg Glu Lys Gly Asp Asp Val			
305	310	315	320
Pro Pro Leu Glu Ile Val Arg Lys Arg Lys Val Phe Trp Glu Lys Leu			
325	330	335	

Tyr Gln Gly Asn Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu Thr Lys
 340 345 350
 Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe Ile His
 355 360 365
 Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala Asn Ile
 370 375 380

 Leu His Gln Arg Phe Asn Asn Glu Thr Asp Asn His Gly Asn Thr Met
 385 390 395 400
 Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ser Ala Leu Val Ser Gln Phe
 405 410 415
 Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp Tyr His
 420 425 430
 His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Gly Val Val Ala Asn Thr Leu Leu
 435 440 445

 Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Glu Tyr His
 450 455 460
 Gln Phe Asp Trp Phe Lys Ala Asn Lys Ala Thr Ala Lys Lys Gln Phe
 465 470 475 480
 Tyr Thr Asn Ile Met Leu Phe Phe Ala Gln Lys Glu Arg Ile Ile Asp
 485 490 495
 Glu Asn Gly Glu Ile Leu Trp Asp Lys Lys Tyr Leu Glu Thr Ile Lys
 500 505 510

 Lys Val Leu Asp Tyr Arg Gln Met Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Ile
 515 520 525
 Gln Lys Gly Glu Phe Ser Lys Ala Thr Ile Lys Pro Lys Gly Asn Ser
 530 535 540
 Ser Lys Leu Ile Pro Arg Lys Glu Asn Trp Asp Pro Met Lys Tyr Gly
 545 550 555 560
 Gly Leu Asp Ser Pro Asn Met Ala Tyr Ala Val Ile Ile Glu His Ala
 565 570 575

 Lys Gly Lys Lys Lys Ile Val Ile Glu Lys Lys Leu Ile Gln Ile Asn

580 585 590
 Ile Met Glu Arg Lys Met Phe Glu Lys Asp Glu Glu Ala Phe Leu Glu
 595 600 605
 Glu Lys Gly Tyr Arg His Pro Lys Val Leu Thr Lys Leu Pro Lys Tyr
 610 615 620
 Thr Leu Tyr Glu Cys Glu Lys Gly Arg Arg Arg Met Leu Ala Ser Ala
 625 630 635 640

Asn Glu Ala Gln Lys Gly Asn Gln Leu Val Leu Ser Asn His Leu Val
 645 650 655
 Ser Leu Leu Tyr His Ala Lys Asn Cys Glu Ala Ser Asp Gly Lys Ser
 660 665 670
 Leu Lys Tyr Thr Glu Ala His Arg Glu Thr Phe Ser Glu Leu Leu Ala
 675 680 685
 Gln Val Ser Glu Phe Ala Thr Arg Tyr Thr Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 690 695 700

Ser Lys Ile Asn Asn Leu Phe Glu Gln Asn Lys Glu Gly Asp Ile Lys
 705 710 715 720
 Xaa Ile Ala Gln Ser Phe Val Asp Leu Met Val Phe Asn Ala Met Gly
 725 730 735
 Ala Pro Ala Ser Phe Lys Phe Phe Glu Ala Thr Ile Asp Arg Lys Arg
 740 745 750
 Tyr Thr Asn Leu Lys Glu Leu Leu Ser Ser Thr Ile Ile Tyr Gln Ser
 755 760 765

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ser Arg Lys Arg Leu Asp Asp
 770 775 780

<210> 268

<211> 1327

<212> PRT

<213> *Listeria seeligeri*

<400> 268

Met Lys Lys Pro Tyr Thr Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15

Gly Trp Ala Ala Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Leu Val Lys Arg Lys Met
 20 25 30
 Lys Val Ala Gly Asn Ser Glu Lys Lys Gln Ile Lys Lys Asn Leu Trp
 35 40 45
 Gly Val Arg Leu Val Asp Glu Gly Lys Thr Ala Ala His Arg Arg Val
 50 55 60
 Asn Arg Thr Thr Arg Arg Arg Ile Glu Arg Arg Arg Asn Arg Ile Ser
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Thr Ala Glu Met Phe Glu Val Asp Ala Asn
 85 90 95
 Phe Phe Tyr Arg Leu Glu Asp Ser Phe Tyr Ile Glu Ser Glu Lys Arg
 100 105 110
 Gln Ser Arg His Pro Phe Phe Ala Thr Ile Glu Glu Glu Val Ala Tyr
 115 120 125
 His Glu Asn Tyr Arg Thr Ile Tyr His Leu Arg Glu Lys Leu Val Asn
 130 135 140
 Ser Ser Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Val Tyr Leu Ala Leu Ala His
 145 150 155 160
 Ile Ile Lys Tyr Arg Gly Asn Phe Leu Ile Glu Gly Lys Leu Asp Thr
 165 170 175
 Lys Asn Thr Ser Val Asp Glu Val Phe Lys Gln Phe Ile Lys Thr Tyr
 180 185 190
 Asn Gln Val Phe Ala Ser Asp Ile Glu Arg Ile Glu Glu Asn Asn Glu
 195 200 205
 Val Ala Lys Ile Phe Ser Glu Lys Leu Thr Lys Arg Glu Lys Leu Asp
 210 215 220
 Lys Ile Leu Asn Leu Tyr Pro Asn Glu Lys Ser Thr Asp Leu Phe Ala
 225 230 235 240
 Gln Phe Ile Ser Leu Ile Ile Gly Ser Lys Gly Asn Phe Lys Lys Phe
 245 250 255
 Phe Asn Leu Thr Glu Lys Thr Asp Ile Glu Cys Ala Lys Asp Ser Tyr

260 265 270
 Glu Glu Asp Leu Glu Val Leu Leu Ala Arg Val Gly Asp Glu Tyr Ala
 275 280 285
 Glu Ile Phe Val Ala Ala Lys Asn Ala Tyr Asn Ala Val Val Leu Ser

 290 295 300
 Ser Ile Ile Thr Val Ser Asn Thr Glu Thr Lys Ala Lys Leu Ser Ala
 305 310 315 320
 Ser Met Ile Glu Arg Phe Asp Lys His Asp Lys Asp Leu Lys Arg Met
 325 330 335
 Lys Ala Phe Phe Lys Val Arg Leu Pro Glu Asn Phe Asn Glu Val Phe
 340 345 350
 Asn Asp Val Glu Lys Asp Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Glu Gly Thr Lys

 355 360 365
 Gln Glu Ala Phe Tyr Lys Tyr Met Lys Lys Met Leu Glu His Val Glu
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Phe Ile Asn Gln Ile Glu Glu Glu Asn Phe Leu Arg
 385 390 395 400
 Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ala Ile Pro His Gln Leu His Leu
 405 410 415
 Glu Glu Leu Glu Ala Ile Leu His Gln Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Phe

 420 425 430
 Leu Lys Val Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Ser Leu Val Thr Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Tyr Phe Val Gly Pro Leu Ala Asn Gly Gln Ser Glu Phe Ser Trp
 450 455 460
 Leu Thr Arg Lys Ala Asp Gly Glu Ile Arg Pro Trp Asn Ile Glu Glu
 465 470 475 480
 Lys Val Asp Phe Gly Lys Ser Ala Ile Asp Phe Ile Glu Lys Met Thr

 485 490 495
 Asn Lys Asp Thr Tyr Leu Pro Lys Glu Asn Val Leu Pro Lys His Ser
 500 505 510

Met Cys Tyr Gln Lys Tyr Met Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Ile Arg
515 520 525
Tyr Thr Asp Asp Gln Gly Lys Thr His Tyr Phe Ser Gly Gln Glu Lys
530 535 540
Gln Gln Ile Phe Asn Asp Leu Phe Lys Gln Lys Arg Lys Val Lys Lys
545 550 555 560
Lys Asp Leu Glu Leu Phe Leu Tyr Asn Met Asn His Val Glu Ser Pro
565 570 575
Thr Val Glu Gly Val Glu Asp Ala Phe Asn Ser Ser Phe Thr Thr Tyr
580 585 590
His Asp Leu Gln Lys Val Gly Val Pro Gln Glu Ile Leu Asp Asp Pro
595 600 605
Leu Asn Thr Glu Met Leu Glu Glu Ile Ile Lys Ile Leu Thr Val Phe
610 615 620
Glu Asp Lys Arg Met Ile Asn Glu Arg Leu Gln Glu Phe Ser Asn Val
625 630 635 640
Leu Asp Glu Ala Val Leu Lys Lys Leu Glu Arg Arg His Tyr Thr Gly
645 650 655
Trp Gly Arg Leu Ser Ala Lys Leu Leu Ile Gly Ile Arg Asp Lys Glu
660 665 670
Ser His Leu Thr Ile Leu Asp Tyr Leu Met Asp Asp Lys His Asn Arg
675 680 685
Asn Leu Met Gln Leu Ile Asn Asp Ser Asn Leu Ser Phe Lys Ser Ile
690 695 700
Ile Glu Lys Glu Gln Val Ser Thr Ala Asp Lys Asp Ile Gln Ser Ile
705 710 715 720
Val Ala Asp Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln
725 730 735
Ser Leu Lys Ile Val Asp Glu Leu Val Gly Ile Met Gly Tyr Pro Pro
740 745 750
Gln Thr Ile Val Val Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gly Lys

755	760	765	
Gly Lys Asn Asn Ser Lys Pro Arg Phe Thr Ser Leu Glu Lys Ala Ile			
770	775	780	
Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Thr Asp Asn Gln			
785	790	795	800
Gly Leu Lys Asn Asp Arg Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Lys			
	805	810	815
Asp Met Tyr Thr Gly Gln Glu Leu Asp Ile His Asn Leu Ser Asn Tyr			
	820	825	830
Asp Ile Asp His Val Val Pro Gln Ser Phe Ile Thr Asp Asn Ser Ile			
	835	840	845
Asp Asn Arg Val Leu Ala Ser Ser Ala Ala Asn Arg Glu Lys Gly Asp			
	850	855	860
Asn Val Pro Ser Leu Glu Val Val Arg Lys Arg Lys Val Tyr Trp Glu			
865	870	875	880
Lys Leu Tyr Gln Ala Lys Leu Met Ser Lys Arg Lys Phe Asp Tyr Leu			
	885	890	895
Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Thr Glu Ala Asp Lys Ala Arg Phe			
	900	905	910
Ile His Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys Asn Val Ala			
	915	920	925
Asn Ile Leu His Gln Arg Phe Asn Cys Lys Lys Asp Glu Ser Gly Asn			
930	935	940	
Val Ile Glu Gln Val Arg Ile Val Thr Leu Lys Ala Ala Leu Val Ser			
945	950	955	960
Gln Phe Arg Lys Gln Phe Gln Leu Tyr Lys Val Arg Glu Val Asn Asp			
	965	970	975
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Cys Val Val Ala Asn Thr			
	980	985	990
Leu Leu Lys Val Tyr Pro Gln Leu Glu Pro Glu Phe Val Tyr Gly Asp			
995	1000	1005	

Tyr His	Gln Phe Asp Trp Phe	Lys Ala Asn Lys Ala	Thr Ala Lys
1010	1015	1020	
Lys Gln	Phe Tyr Thr Asn Ile	Met Leu Phe Phe Ala	Lys Lys Asp
1025	1030	1035	
Arg Ile	Ile Asp Glu Asn Gly	Glu Ile Leu Trp Asp	Lys Lys Tyr
1040	1045	1050	
Leu Asp	Thr Ile Lys Lys Val	Leu Asn Tyr Arg Gln	Met Asn Ile
1055	1060	1065	
Val Lys	Lys Thr Glu Ile Gln	Lys Gly Glu Phe Ser	Asn Ala Thr
1070	1075	1080	
Ala Asn	Pro Lys Gly Asn Ser	Ser Lys Leu Ile Pro	Arg Lys Ala
1085	1090	1095	
Asp Trp	Asp Pro Ile Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Gly	Ser Asn Met
1100	1105	1110	
Ala Tyr	Ala Ile Val Ile Glu	His Glu Lys Arg Lys	Lys Lys Thr
1115	1120	1125	
Val Ile	Lys Lys Glu Leu Ile	Gln Ile Asn Ile Met	Glu Arg Thr
1130	1135	1140	
Ala Phe	Glu Lys Asp Gln Lys	Glu Phe Leu Glu Gly	Lys Gly Tyr
1145	1150	1155	
Arg Asn	Pro Lys Val Ile Thr	Lys Ile Pro Lys Tyr	Thr Leu Tyr
1160	1165	1170	
Glu Cys	Glu Asn Gly Arg Arg	Arg Met Leu Gly Ser	Ala Asn Glu
1175	1180	1185	
Ala Gln	Lys Gly Asn Gln Met	Val Leu Pro Asn His	Leu Met Thr
1190	1195	1200	
Leu Leu	Tyr His Ala Lys Asn	Cys Glu Ala Ser Asp	Gly Lys Ser
1205	1210	1215	
Leu Ala	Tyr Ile Glu Ser His	Arg Glu Met Phe Ala	Glu Leu Leu
1220	1225	1230	
Asp Ser	Ile Ser Glu Phe Ala	Ser Arg Tyr Thr Leu	Ala Asp Ala

1235 1240 1245
 Asn Leu Glu Lys Ile Asn Thr Ile Phe Glu Gln Asn Lys Ser Gly
 1250 1255 1260
 Asp Val Lys Val Ile Ala Gln Ser Phe Val Asn Leu Leu Glu Phe
 1265 1270 1275
 Asn Ala Met Gly Ala Pro Ala Ser Phe Lys Tyr Phe Glu Thr Asn
 1280 1285 1290
 Ile Glu Arg Lys Arg Tyr Asn Asn Leu Lys Glu Leu Leu Asn Ala

 1295 1300 1305
 Thr Ile Ile Tyr Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Ala Arg Lys
 1310 1315 1320
 Arg Leu Asp Asp
 1325
 <210> 269
 <211> 1359
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 269
 Ala Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

 20 25 30
 Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
 35 40 45
 Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
 50 55 60
 Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
 65 70 75 80
 Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

 85 90 95
 Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100	105	110	
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr			
115	120	125	
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp			
130	135	140	
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His			
145	150	155	160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro			
165	170	175	
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr			
180	185	190	
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys			
195	200	205	
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu			
210	215	220	
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu			
225	230	235	240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp			
245	250	255	
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp			
260	265	270	
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu			
275	280	285	
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile			
290	295	300	
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
325	330	335	
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
340	345	350	

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365

Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380

Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400

Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415

Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430

Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445

Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460

Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480

Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510

Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu

 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu

 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys

850

855

860

Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

865

870

875

880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp

885

890

895

Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala

900

905

910

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His

915

920

925

Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930

935

940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu

945

950

955

960

Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile

965

970

975

Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980

985

990

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995

1000

1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys

1010

1015

1020

Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe

1025

1030

1035

Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040

1045

1050

Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys

1055

1060

1065

Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln

1070

1075

1080

Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser

1085 1090 1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala

1100 1105 1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser

1115 1120 1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys

1130 1135 1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile

1145 1150 1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe

1160 1165 1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile

1175 1180 1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys

1190 1195 1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala

1205 1210 1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr

1220 1225 1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu

1235 1240 1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1250 1255 1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

1265 1270 1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1280 1285 1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1295 1300 1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355

<210> 270
<211> 1290
<212> PRT
<213> Roseburia hominis
<400> 270

Ile Val Asp Tyr Cys Ile Gly Leu Asp Leu Gly Thr Gly Ser Val Gly
1 5 10 15

Trp Ala Val Val Asp Met Asn His Arg Leu Met Lys Arg Asn Gly Lys
20 25 30

His Leu Trp Gly Ser Arg Leu Phe Ser Asn Ala Glu Thr Ala Ala Thr
35 40 45

Arg Arg Ser Ser Arg Ser Ile Arg Arg Arg Tyr Asn Lys Arg Arg Glu
50 55 60

Arg Ile Arg Leu Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asp Met Val Leu Glu Lys
65 70 75 80

Asp Pro Thr Phe Phe Ile Arg Leu Glu His Thr Ser Phe Leu Asp Glu
85 90 95

Glu Asp Lys Ala Lys Tyr Leu Gly Asp Asn Tyr Asn Leu Phe Ile Asp
100 105 110

Glu Asp Phe Asn Asp Tyr Thr Tyr Tyr His Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr
115 120 125

His Leu Arg Lys Ala Leu Cys Glu Ser Thr Glu Lys Ala Asp Pro Arg
130 135 140

Leu Ile Tyr Leu Ala Leu His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly Asn Phe
145 150 155 160

Leu Tyr Glu Gly Gln Lys Phe Asn Met Asp Ala Ser Asn Ile Glu Asp

165 170 175

Lys Leu Ser Asp Val Phe Thr Gln Phe Ala Asp Phe Asn Asn Ile Pro

180 185 190

Tyr Glu Asp Asp Lys Lys Asn Leu Glu Ile Leu Glu Ile Leu Lys Lys

195 200 205

Pro Leu Ser Lys Lys Ala Lys Val Asp Glu Val Met Ala Leu Ile Ser

210 215 220

Pro Glu Lys Glu Phe Lys Ser Ala Tyr Lys Glu Leu Val Thr Gly Ile

225 230 235 240

Ala Gly Asn Lys Met Asn Val Thr Lys Met Ile Leu Cys Glu Ser Ile

245 250 255

Lys Gln Gly Asp Ser Glu Ile Lys Leu Lys Phe Ser Asp Ser Asn Tyr

260 265 270

Asp Asp Gln Phe Ser Glu Val Glu Asn Asp Leu Gly Glu Tyr Val Glu

275 280 285

Phe Ile Asp Ser Leu His Asn Ile Tyr Ser Trp Val Glu Leu Gln Thr

290 295 300

Ile Met Gly Ala Thr His Thr Asp Asn Ala Ser Ile Ser Glu Ala Met

305 310 315 320

Val Ser Arg Tyr Asn Lys His His Glu Asp Leu Gln Leu Leu Lys Lys

325 330 335

Cys Ile Lys Asp Asn Val Pro Lys Lys Tyr Phe Asp Met Phe Arg Asn

340 345 350

Asp Ser Glu Lys Val Lys Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ile Asn Arg Lys Ala

355 360 365

Pro Val Asp Glu Phe Tyr Lys Phe Val Lys Lys Cys Ile Glu Lys Val

370 375 380

Asp Thr Pro Glu Ala Lys Gln Ile Leu His Asp Ile Glu Leu Glu Asn

385 390 395 400

Phe Leu Leu Lys Gln Asn Ser Arg Thr Asn Gly Ser Val Pro Tyr Gln

405 410 415
Met Gln Leu Asp Glu Met Ile Lys Ile Ile Asp Asn Gln Ala Lys Tyr

420 425 430
Tyr Pro Val Leu Lys Glu Lys Arg Glu Gln Leu Leu Ser Ile Leu Thr

435 440 445
Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Phe Gly Pro Leu Glu Thr Ser Glu His Ala

450 455 460
Trp Ile Lys Arg Leu Glu Gly Lys Glu Asn Gln Arg Ile Leu Pro Trp

465 470 475 480
Asn Tyr Gln Asp Thr Val Asp Val Asp Ala Thr Ala Glu Gly Phe Ile

485 490 495
Lys Arg Met Arg Ser Tyr Cys Thr Tyr Phe Pro Asp Glu Glu Val Leu

500 505 510
Pro Lys Asn Ser Leu Ile Val Ser Lys Tyr Glu Val Tyr Asn Glu Leu

515 520 525
Asn Lys Ile Arg Val Asp Asp Lys Leu Leu Glu Val Asp Val Lys Asn

530 535 540
Asp Ile Tyr Asn Glu Leu Phe Met Lys Asn Lys Thr Val Thr Glu Lys

545 550 555 560
Lys Leu Lys Asn Trp Leu Val Asn Asn Gln Cys Cys Arg Lys Asp Ala

565 570 575
Glu Ile Lys Gly Phe Gln Lys Glu Asn Gln Phe Ser Thr Ser Leu Thr

580 585 590
Pro Trp Ile Asp Phe Thr Asn Ile Phe Gly Lys Ile Asp Gln Ser Asn

595 600 605
Phe Asp Leu Ile Glu Lys Ile Ile Tyr Asp Leu Thr Val Phe Glu Asp

610 615 620
Lys Lys Ile Met Lys Arg Arg Leu Lys Lys Lys Tyr Ala Leu Pro Asp

625 630 635 640
Asp Lys Ile Lys Gln Ile Leu Lys Leu Lys Tyr Lys Asp Trp Ser Arg

645 650 655

Leu Ser Lys Lys Leu Leu Asp Gly Ile Val Ala Asp Ser Val Thr Val
 660 665 670
 Leu Asp Val Leu Glu Ser Arg Leu Asn Leu Met Glu Ile Ile Asn Asp
 675 680 685
 Lys Glu Leu Gly Tyr Ala Gln Met Ile Glu Glu Ala Ser Ser Cys Pro
 690 695 700
 Lys Asp Gly Lys Phe Thr Tyr Glu Glu Val Ala Lys Leu Ala Gly Ser
 705 710 715 720
 Pro Ala Leu Lys Arg Gly Ile Trp Gln Ser Leu Gln Ile Val Glu Glu
 725 730 735
 Ile Thr Lys Val Met Lys Cys Arg Pro Lys Tyr Ile Tyr Ile Glu Phe
 740 745 750
 Glu Arg Ser Glu Glu Lys Glu Arg Thr Glu Ser Lys Ile Lys Lys Leu
 755 760 765
 Glu Asn Val Tyr Lys Asp Glu Gln Thr Ser Val Leu Glu Glu Leu Lys
 770 775 780
 Gly Phe Asp Asn Thr Lys Lys Ile Ser Ser Asp Ser Leu Phe Leu Tyr
 785 790 795 800
 Phe Thr Gln Leu Gly Lys Cys Met Tyr Ser Gly Lys Lys Leu Asp Ile
 805 810 815
 Asp Ser Leu Asp Lys Tyr Gln Ile Asp His Ile Val Pro Gln Ser Leu
 820 825 830
 Val Lys Asp Asp Ser Phe Asp Asn Arg Val Leu Val Leu Pro Ser Glu
 835 840 845
 Asn Gln Arg Lys Leu Asp Asp Leu Val Val Pro Phe Asp Ile Arg Asp
 850 855 860
 Lys Met Tyr Arg Phe Trp Lys Leu Leu Phe Asp His Glu Leu Ile Ser
 865 870 875 880
 Pro Lys Lys Phe Tyr Ser Leu Ile Lys Thr Glu Tyr Thr Glu Arg Asp
 885 890 895
 Glu Glu Arg Phe Ile Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr

900	905	910	
Lys Asn Val Thr Gln Ile Ile Glu Asp His Tyr Ser Thr Thr Lys Val			
915	920	925	
Ala Ala Ile Arg Ala Asn Leu Ser His Glu Phe Arg Val Lys Asn His			
930	935	940	
Ile Tyr Lys Asn Arg Asp Ile Asn Asp Tyr His His Ala His Asp Ala			
945	950	955	960
Tyr Ile Val Ala Leu Ile Gly Gly Phe Met Arg Asp Arg Tyr Pro Asn			
965	970	975	
Met His Asp Ser Lys Ala Val Tyr Ser Glu Tyr Met Lys Met Phe Arg			
980	985	990	
Asn Lys Asn Asp Gln Lys Gly Phe Val Ile Asn Ser Met Asn Tyr Pro			
995	1000	1005	
Tyr Glu Val Asp Gly Lys Leu Ile Trp Asn Pro Asp Leu Ile Asn			
1010	1015	1020	
Glu Ile Lys Lys Cys Phe Tyr Tyr Lys Asp Cys Tyr Cys Thr Thr			
1025	1030	1035	
Lys Leu Asp Gln Lys Ser Gly Gln Met Phe Asn Thr Val Leu Pro			
1040	1045	1050	
Asn Asp Ala His Ser Ala Lys Gly Ala Val Ile Pro Val Asn Lys			
1055	1060	1065	
Asn Arg Lys Asp Val Asn Lys Tyr Gly Gly Phe Ser Gly Leu Gln			
1070	1075	1080	
Tyr Val Ile Ala Ala Ile Glu Gly Thr Lys Lys Lys Gly Lys Lys			
1085	1090	1095	
Leu Val Lys Val Arg Lys Leu Ser Gly Ile Pro Leu Tyr Leu Lys			
1100	1105	1110	
Gln Ala Asp Ile Lys Glu Gln Ile Glu Tyr Val Glu Lys Glu Glu			
1115	1120	1125	
Lys Leu Ser Asp Val Lys Ile Ile Lys Asn Asn Ile Pro Leu Asn			
1130	1135	1140	

Gln Leu Ile Glu Ile Asp Gly Arg Gln Tyr Leu Leu Thr Ser Glu
1145 1150 1155

Cys Val Asn Ala Met Gln Leu Val Leu Asn Glu Glu Gln Cys Lys
1160 1165 1170

Leu Ile Ala Asp Ile Tyr Asn Ala Ile Tyr Lys Gln Asp Phe Asp
1175 1180 1185

Gly Leu Asp Asn Met Leu Met Ile Gln Leu Tyr Leu Gln Leu Ile
1190 1195 1200

Asp Lys Leu Lys Thr Leu Tyr Pro Ile Tyr Met Gly Ile Val Glu
1205 1210 1215

Lys Phe Glu Lys Phe Val Ser Ile Ser Lys Glu Glu Lys Ala Asn
1220 1225 1230

Val Ile Gln Met Leu Ile Ile Met His Lys Gly Pro Gln Asn Gly

1235 1240 1245

Asn Ile Ile Tyr Asp Asp Phe Asn Val Gly Lys Arg Ile Gly Arg
1250 1255 1260

Leu Asn Gly Arg Thr Phe Tyr Leu Asn Ile Glu Phe Ile Ser Gln
1265 1270 1275

Ser Pro Thr Gly Ile Tyr Thr Lys Lys Tyr Lys Leu
1280 1285 1290

<210> 271

<211> 1292

<212> PRT

<213> *Sharpea azabuensis*

<400> 271

Lys Asp Ile Arg Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Met Asp Glu His Tyr Glu Leu Leu Lys Lys Gly Asn

20 25 30

His His Met Trp Gly Ser Arg Leu Phe Asp Ala Ala Glu Pro Ala Ala

35 40 45

Thr Arg Arg Ala Ser Arg Ser Ile Arg Arg Arg Tyr Asn Lys Arg Arg

50	55	60
Glu Arg Ile Arg Leu Leu Arg Asp Leu Leu Gly Asp Met Val Met Glu		
65	70	75
Val Asp Pro Thr Phe Phe Ile Arg Leu Leu Asn Val Ser Phe Leu Asp		
85	90	95
Glu Glu Asp Lys Gln Lys Asn Leu Gly Asp Asn Tyr Asn Leu Phe Ile		
100	105	110
Glu Lys Asp Phe Asn Asp Lys Thr Tyr Tyr Asp Lys Tyr Pro Thr Ile		
115	120	125
Tyr His Leu Arg Lys Glu Leu Cys Glu Asn Lys Glu Lys Ala Asp Pro		
130	135	140
Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu His His Ile Val Lys Tyr Arg Gly Asn		
145	150	155
Phe Leu Tyr Glu Gly Gln Ser Phe Thr Met Asp Asn Ser Asp Ile Glu		
165	170	175
Glu Arg Leu Asn Ser Ala Ile Glu Lys Phe Met Ser Ile Asn Glu Phe		
180	185	190
Asp Asn Arg Ile Val Ser Asp Ile Asn Ser Met Ile Ala Val Leu Ser		
195	200	205
Lys Ile Tyr Gln Arg Ser Lys Lys Ala Asp Asp Leu Leu Lys Ile Met		
210	215	220
Asn Pro Thr Lys Glu Glu Lys Ala Ala Tyr Lys Glu Phe Thr Lys Ala		
225	230	235
Leu Val Gly Leu Lys Phe Asn Ile Ser Lys Met Ile Leu Ala Gln Glu		
245	250	255
Val Lys Lys Gly Asp Thr Asp Ile Val Leu Glu Phe Ser Asn Ala Asn		
260	265	270
Tyr Asp Ser Thr Ile Asp Glu Leu Gln Ser Glu Leu Gly Glu Tyr Ile		
275	280	285
Glu Phe Ile Glu Met Leu His Asn Ile Tyr Ser Trp Val Glu Leu Gln		
290	295	300

Ala Ile Leu Gly Ala Thr His Thr Asp Asn Pro Ser Ile Ser Ala Ala
305 310 315 320

Met Val Glu Arg Tyr Glu Glu His Lys Lys Asp Leu Arg Val Leu Lys
325 330 335

Lys Val Ile Arg Glu Glu Leu Pro Asp Lys Tyr Asn Glu Val Phe Arg
340 345 350

Lys Asp Asn Arg Lys Leu His Asn Tyr Leu Gly Tyr Ile Lys Tyr Asp
355 360 365

Thr Pro Val Glu Glu Phe Tyr Lys Tyr Ile Lys Gly Leu Leu Ala Lys
370 375 380

Val Asp Thr Asp Glu Ala Arg Glu Ile Leu Glu Arg Ile Asp Leu Glu
385 390 395 400

Lys Phe Met Leu Lys Gln Asn Ser Arg Thr Asn Gly Ser Ile Pro Tyr
405 410 415

Gln Met Gln Lys Asp Glu Met Ile Gln Ile Ile Asp Asn Gln Ser Val
420 425 430

Tyr Tyr Pro Gln Leu Lys Glu Asn Arg Asp Lys Leu Ile Ser Ile Leu
435 440 445

Glu Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Phe Gly Pro Leu Ala His Ser Glu Phe
450 455 460

Ala Trp Ile Lys Lys Phe Glu Asp Lys Gln Lys Glu Arg Ile Leu Pro
465 470 475 480

Trp Asn Tyr Asp Gln Ile Val Asp Ile Asp Ala Thr Ala Glu Gly Phe
485 490 495

Ile Glu Arg Met Lys Asn Thr Gly Thr Tyr Phe Pro Asp Glu Pro Val
500 505 510

Met Ala Lys Asn Ser Leu Thr Val Ser Lys Phe Glu Val Leu Asn Glu
515 520 525

Leu Asn Lys Ile Arg Ile Asn Gly Lys Leu Ile Ala Val Glu Thr Lys
530 535 540

Lys Glu Leu Leu Ser Asp Leu Phe Met Lys Asn Lys Thr Ile Thr Asp

545 550 555 560
 Lys Lys Leu Lys Asp Trp Leu Val Thr His Gln Tyr Tyr Asp Ile Asn
 565 570 575

 Glu Glu Leu Lys Ile Glu Gly Tyr Gln Lys Asp Leu Gln Phe Ser Thr
 580 585 590
 Ser Leu Ala Pro Trp Ile Asp Phe Thr Lys Ile Phe Gly Glu Ile Asn
 595 600 605
 Ala Ser Asn Tyr Gln Leu Ile Glu Lys Ile Ile Tyr Asp Ile Ser Ile
 610 615 620
 Phe Glu Asp Lys Lys Ile Leu Lys Arg Arg Leu Lys Lys Val Tyr Gln
 625 630 635 640

 Leu Asp Asp Leu Leu Val Asp Lys Ile Leu Lys Leu Asn Tyr Thr Gly
 645 650 655
 Trp Ser Arg Leu Ser Glu Lys Leu Leu Thr Gly Met Thr Ala Asp Lys
 660 665 670
 Ala Thr Val Leu Phe Val Leu Glu Ser Asn Lys Asn Leu Met Glu Ile
 675 680 685
 Ile Asn Asp Glu Lys Leu Gly Tyr Lys Gln Ile Ile Glu Glu Ser Asn
 690 695 700

 Met Gln Asp Ile Glu Gly Pro Phe Lys Tyr Asp Glu Val Lys Lys Leu
 705 710 715 720
 Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Arg Gly Ile Trp Gln Ala Leu Leu Val
 725 730 735
 Val Arg Glu Ile Thr Lys Phe Met Lys His Glu Pro Ser His Ile Tyr
 740 745 750
 Ile Glu Phe Ala Arg Glu Glu Gln Lys Val Arg Lys Glu Ser Lys Ile
 755 760 765

 Ala Lys Leu Gln Lys Ile Tyr Glu Asn Leu Gln Thr Gln Val Tyr Glu
 770 775 780
 Ser Leu Lys Lys Glu Asp Ala Lys Lys Arg Met Glu Thr Asp Ala Leu
 785 790 795 800

Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Met Gly Lys Ser Met Tyr Ser Gly Lys Pro
805 810 815

Leu Asp Ile Asp Lys Leu Ser Thr Tyr Gln Ile Asp His Ile Leu Pro
820 825 830

Gln Ser Leu Ile Lys Asp Asp Ser Phe Asp Asn Arg Val Leu Val Leu
835 840 845

Pro Glu Glu Asn Gln Trp Lys Leu Asp Ser Glu Thr Val Pro Phe Glu
850 855 860

Ile Arg Asn Lys Met Ile Gly Phe Trp Gln Met Leu His Glu Asn Gly
865 870 875 880

Leu Met Ser Asn Lys Lys Phe Phe Ser Leu Ile Arg Thr Asp Phe Ser
885 890 895

Asp Lys Asp Lys Glu Arg Phe Ile Asn Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg
900 905 910

Gln Ile Ile Lys Asn Val Ala Val Ile Ile Asn Asp His Tyr Thr Asn
915 920 925

Thr Asn Ile Val Thr Val Arg Ala Glu Leu Ser His Gln Phe Arg Glu
930 935 940

Arg Tyr Lys Ile Tyr Lys Asn Arg Asp Ile Asn Asp Phe His His Ala
945 950 955 960

His Asp Ala Tyr Ile Ala Cys Ile Val Gly Gln Phe Met His Gln Asn
965 970 975

Phe Glu His Leu Asp Ala Lys Ile Ile Tyr Gly Gln Tyr Lys Lys Asn
980 985 990

Tyr Lys Lys Asn Tyr Gly Phe Ile Leu Asn Ser Met Asn His Leu Gln
995 1000 1005

Ser Asp Ile Asp Thr Gly Glu Val Met Trp Asp Pro Ala Lys Ile
1010 1015 1020

Gly Lys Ile Lys Ser Cys Phe Tyr Tyr Lys Asp Val Tyr Val Thr
1025 1030 1035

Lys Lys Leu Glu Gln Asn Ser Gly Thr Leu Phe Asn Thr Val Leu

1040	1045	1050
Pro Asn Asp Ala His Ser Glu Lys Gly Ala Thr Val Pro Leu Asn		
1055	1060	1065
Lys Tyr Arg Ala Asp Val His Lys Tyr Gly Gly Phe Gly Asn Val		
1070	1075	1080
Gln Ser Ile Ile Val Ala Ile Glu Gly Lys Lys Lys Lys Gly Lys		
1085	1090	1095
Lys Leu Ile Asp Val Arg Lys Leu Thr Ser Ile Pro Leu His Leu		
1100	1105	1110
Lys Asn Ala Pro Val Glu Glu Gln Leu Ser Tyr Ile Ala Ser Pro		
1115	1120	1125
Glu His Glu Asp Leu Ile Asp Val Arg Ile Val Lys Glu Ile Leu		
1130	1135	1140
Lys Asn Gln Leu Ile Glu Ile Asp Gly Gly Leu Tyr Tyr Val Thr		
1145	1150	1155
Ser Glu Tyr Val Thr Ala Arg Gln Leu Ser Leu Asn Glu Gln Ser		
1160	1165	1170
Cys Lys Leu Ile Ser Glu Ile Tyr Ala Ala Met Leu Lys Lys Arg		
1175	1180	1185
Tyr Glu Tyr Leu Asp Glu Glu Glu Ile Phe Asp Leu Tyr Leu Gln		
1190	1195	1200
Leu Leu Gln Lys Met Asp Thr Leu Tyr Pro Ala Tyr Lys Gly Ile		
1205	1210	1215
Ala Lys Arg Phe Phe Asp Phe Lys Asn Ile Asp Val Val Glu Lys		
1220	1225	1230
Cys Asp Val Ile Gln Ile Leu Ile Ile Met His Ala Gly Pro Met		
1235	1240	1245
Asn Gly Asn Ile Met Tyr Asp Asp Phe Lys Phe Thr Asn Arg Ile		
1250	1255	1260
Gly Arg Phe Thr His Lys Asn Ile Asp Leu Lys Thr Thr Phe Ile		
1265	1270	1275

Ser Thr Ser Val Thr Gly Leu Phe Ser Lys Lys Tyr Lys Leu

1280 1285 1290

<210> 272

<211> 1359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 272

Ala Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110

His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125

His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140

Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160

Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175

Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190

Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys

 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
 865 870 875 880
 Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly

980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro

1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080
 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser
 1085 1090 1095
 Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala

1100 1105 1110
 Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser
 1115 1120 1125
 Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys
 1130 1135 1140
 Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile
 1145 1150 1155
 Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe

1160 1165 1170

Leu Glu	Ala Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile
1175	1180	1185	
Lys Leu	Pro Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190	1195	1200	
Arg Met	Leu Ala Ser Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205	1210	1215	
Leu Pro	Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220	1225	1230	
Glu Lys	Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235	1240	1245	
Phe Val	Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250	1255	1260	
Ile Ser	Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1265	1270	1275	
Asp Lys	Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1280	1285	1290	
Arg Glu	Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1295	1300	1305	
Leu Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1310	1315	1320	
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1325	1330	1335	
Ile His	Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1340	1345	1350	
Ser Gln	Leu Gly Gly Asp		
1355			
<210>	273		
<211>	1359		
<212>	PRT		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polypeptide		
<400>	273		

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val
1 5 10 15
Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe
20 25 30
Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile
35 40 45
Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

 355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn

 485 490 495

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val

 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu

 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn

 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His

740	745	750	
Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
755	760	765	
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu			
770	775	780	
Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu			
785	790	795	800
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn			
805	810	815	
Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser			
820	825	830	
Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp			
835	840	845	
Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys			
850	855	860	
Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr			
865	870	875	880
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp			
885	890	895	
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala			
900	905	910	
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His			
915	920	925	
Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn			
930	935	940	
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu			
945	950	955	960
Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile			
965	970	975	
Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly			
980	985	990	

Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

995	1000	1005
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys		
1010	1015	1020
Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe		
1025	1030	1035
Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro		
1040	1045	1050
Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys		

1055	1060	1065
Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln		
1070	1075	1080
Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser		
1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		

1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		
1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile		

1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		
1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		

1220 1225 1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu

1235 1240 1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1250 1255 1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

1265 1270 1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1280 1285 1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1295 1300 1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1310 1315 1320
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1325 1330 1335
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1340 1345 1350
Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 274

<211> 1359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 274

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Asp Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu
50 55 60
Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser
85 90 95
Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys
100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr
115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp
130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His
145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro
165 170 175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr
180 185 190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
195 200 205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
210 215 220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
225 230 235 240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
245 250 255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
260 265 270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
275 280 285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290	295	300	
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met			
305	310	315	320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala			
	325	330	335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp			
	340	345	350
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln			
355	360	365	
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly			
370	375	380	
Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys			
385	390	395	400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly			
	405	410	415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu			
	420	425	430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro			
435	440	445	
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met			
450	455	460	
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val			
465	470	475	480
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn			
	485	490	495
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu			
	500	505	510
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr			
	515	520	525
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys			
530	535	540	

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
610 615 620

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
625 630 635 640

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
645 650 655

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
660 665 670

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
675 680 685

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu
690 695 700

Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
705 710 715 720

His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
725 730 735

Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
740 745 750

Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
755 760 765

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
770 775 780

Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu

785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815

Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser
 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845
 Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
 865 870 875 880

Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035

Lys Thr	Glu Ile Thr	Leu Ala	Asn Gly	Glu Ile Arg	Lys Arg Pro
1040		1045		1050	
Leu Ile	Glu Thr Asn	Gly Glu	Thr Gly	Glu Ile Val	Trp Asp Lys
1055		1060		1065	
Gly Arg	Asp Phe Ala	Thr Val	Arg Lys	Val Leu Ser	Met Pro Gln
1070		1075		1080	
Val Asn	Ile Val Lys	Lys Thr	Glu Val	Gln Thr Gly	Gly Phe Ser
1085		1090		1095	
Lys Glu	Ser Ile Leu	Pro Lys	Arg Asn	Ser Asp Lys	Leu Ile Ala
1100		1105		1110	
Arg Lys	Lys Asp Trp	Asp Pro	Lys Lys	Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser
1115		1120		1125	
Pro Thr	Val Ala Tyr	Ser Val	Leu Val	Val Ala Lys	Val Glu Lys
1130		1135		1140	
Gly Lys	Ser Lys Lys	Leu Lys	Ser Val	Lys Glu Leu	Leu Gly Ile
1145		1150		1155	
Thr Ile	Met Glu Arg	Ser Ser	Phe Glu	Lys Asn Pro	Ile Asp Phe
1160		1165		1170	
Leu Glu	Ala Lys Gly	Tyr Lys	Glu Val	Lys Lys Asp	Leu Ile Ile
1175		1180		1185	
Lys Leu	Pro Lys Tyr	Ser Leu	Phe Glu	Leu Glu Asn	Gly Arg Lys
1190		1195		1200	
Arg Met	Leu Ala Ser	Gly Glu	Leu Gln	Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1205		1210		1215	
Leu Pro	Ser Lys Tyr	Val Asn	Phe Leu	Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1220		1225		1230	
Glu Lys	Leu Lys Gly	Ser Pro	Glu Asp	Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1235		1240		1245	
Phe Val	Glu Gln His	Lys His	Tyr Leu	Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1250		1255		1260	
Ile Ser	Glu Phe Ser	Lys Arg	Val Ile	Leu Ala Asp	Ala Asn Leu

1265 1270 1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1280 1285 1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1295 1300 1305

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1310 1315 1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355

<210> 275

<211> 1359

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 275

Met Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val

1 5 10 15

Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe

20 25 30

Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu

50 55 60

Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser

85 90 95

Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys

100 105 110
His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr

115 120 125
His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp

130 135 140
Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His

145 150 155 160
Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro

165 170 175
Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr

180 185 190
Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys

195 200 205
Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

210 215 220
Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu

225 230 235 240
Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

245 250 255
Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp

260 265 270
Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

275 280 285
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

290 295 300
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

305 310 315 320
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala

325 330 335
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

340 345 350

Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
355 360 365
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
370 375 380
Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
385 390 395 400
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
405 410 415
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
420 425 430
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
435 440 445
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
450 455 460
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
465 470 475 480
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
485 490 495
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
500 505 510
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
515 520 525
Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
530 535 540
Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
545 550 555 560
Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
565 570 575
Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
580 585 590
Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

595 600 605
 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His

 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Asp Gly Phe Ala Asn
 675 680 685
 Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

 690 695 700
 Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu
 705 710 715 720
 His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu
 725 730 735
 Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His
 740 745 750
 Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr

 755 760 765
 Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu
 770 775 780
 Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu
 785 790 795 800
 Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn
 805 810 815
 Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser

 820 825 830
 Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp
 835 840 845

Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys
 850 855 860
 Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr
 865 870 875 880
 Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp
 885 890 895
 Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 900 905 910
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His
 915 920 925
 Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
 930 935 940
 Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu
 945 950 955 960
 Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile
 965 970 975
 Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly
 980 985 990
 Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr
 995 1000 1005
 Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys
 1010 1015 1020
 Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe
 1025 1030 1035
 Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro
 1040 1045 1050
 Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys
 1055 1060 1065
 Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln
 1070 1075 1080
 Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser

1085	1090	1095
Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala		
1100	1105	1110
Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser		
1115	1120	1125
Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys		

1130	1135	1140
Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile		
1145	1150	1155
Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe		
1160	1165	1170
Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile		
1175	1180	1185
Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys		

1190	1195	1200
Arg Met Leu Ala Ser Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1205	1210	1215
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1220	1225	1230
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		
1235	1240	1245
Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln		

1250	1255	1260
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu		
1265	1270	1275
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile		
1280	1285	1290
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn		
1295	1300	1305
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp		

1310	1315	1320

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1325 1330 1335

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1340 1345 1350

Ser Gln Leu Gly Gly Asp
1355

<210> 276

<211> 198

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 276

Met Asp Ser Leu Leu Met Asn Arg Arg Lys Phe Leu Tyr Gln Phe Lys

1 5 10 15

Asn Val Arg Trp Ala Lys Gly Arg Arg Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Val

20 25 30

Val Lys Arg Arg Asp Ser Ala Thr Ser Phe Ser Leu Asp Phe Gly Tyr

35 40 45

Leu Arg Asn Lys Asn Gly Cys His Val Glu Leu Leu Phe Leu Arg Tyr

50 55 60

Ile Ser Asp Trp Asp Leu Asp Pro Gly Arg Cys Tyr Arg Val Thr Trp

65 70 75 80

Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Tyr Asp Cys Ala Arg His Val Ala Asp

85 90 95

Phe Leu Arg Gly Asn Pro Asn Leu Ser Leu Arg Ile Phe Thr Ala Arg

100 105 110

Leu Tyr Phe Cys Glu Asp Arg Lys Ala Glu Pro Glu Gly Leu Arg Arg

115 120 125

Leu His Arg Ala Gly Val Gln Ile Ala Ile Met Thr Phe Lys Asp Tyr

130 135 140

Phe Tyr Cys Trp Asn Thr Phe Val Glu Asn His Glu Arg Thr Phe Lys

145 150 155 160

Ala Trp Glu Gly Leu His Glu Asn Ser Val Arg Leu Ser Arg Gln Leu

165 170 175
Arg Arg Ile Leu Leu Pro Leu Tyr Glu Val Asp Asp Leu Arg Asp Ala
180 185 190
Phe Arg Thr Leu Gly Leu
195

<210> 277

<211> 198

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 277

Met Asp Ser Leu Leu Met Lys Gln Lys Lys Phe Leu Tyr His Phe Lys
1 5 10 15
Asn Val Arg Trp Ala Lys Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Val
20 25 30
Val Lys Arg Arg Asp Ser Ala Thr Ser Cys Ser Leu Asp Phe Gly His
35 40 45
Leu Arg Asn Lys Ser Gly Cys His Val Glu Leu Leu Phe Leu Arg Tyr

50 55 60
Ile Ser Asp Trp Asp Leu Asp Pro Gly Arg Cys Tyr Arg Val Thr Trp
65 70 75 80
Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Tyr Asp Cys Ala Arg His Val Ala Glu
85 90 95
Phe Leu Arg Trp Asn Pro Asn Leu Ser Leu Arg Ile Phe Thr Ala Arg
100 105 110
Leu Tyr Phe Cys Glu Asp Arg Lys Ala Glu Pro Glu Gly Leu Arg Arg

115 120 125
Leu His Arg Ala Gly Val Gln Ile Gly Ile Met Thr Phe Lys Asp Tyr
130 135 140
Phe Tyr Cys Trp Asn Thr Phe Val Glu Asn Arg Glu Arg Thr Phe Lys
145 150 155 160
Ala Trp Glu Gly Leu His Glu Asn Ser Val Arg Leu Thr Arg Gln Leu
165 170 175

Arg Arg Ile Leu Leu Pro Leu Tyr Glu Val Asp Asp Leu Arg Asp Ala

180 185 190

Phe Arg Met Leu Gly Phe

195

<210> 278

<211> 198

<212> PRT

<213> Canis lupus

<400> 278

Met Asp Ser Leu Leu Met Lys Gln Arg Lys Phe Leu Tyr His Phe Lys

1 5 10 15

Asn Val Arg Trp Ala Lys Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Val

20 25 30

Val Lys Arg Arg Asp Ser Ala Thr Ser Phe Ser Leu Asp Phe Gly His

35 40 45

Leu Arg Asn Lys Ser Gly Cys His Val Glu Leu Leu Phe Leu Arg Tyr

50 55 60

Ile Ser Asp Trp Asp Leu Asp Pro Gly Arg Cys Tyr Arg Val Thr Trp

65 70 75 80

Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Tyr Asp Cys Ala Arg His Val Ala Asp

85 90 95

Phe Leu Arg Gly Tyr Pro Asn Leu Ser Leu Arg Ile Phe Ala Ala Arg

100 105 110

Leu Tyr Phe Cys Glu Asp Arg Lys Ala Glu Pro Glu Gly Leu Arg Arg

115 120 125

Leu His Arg Ala Gly Val Gln Ile Ala Ile Met Thr Phe Lys Asp Tyr

130 135 140

Phe Tyr Cys Trp Asn Thr Phe Val Glu Asn Arg Glu Lys Thr Phe Lys

145 150 155 160

Ala Trp Glu Gly Leu His Glu Asn Ser Val Arg Leu Ser Arg Gln Leu

165 170 175

Arg Arg Ile Leu Leu Pro Leu Tyr Glu Val Asp Asp Leu Arg Asp Ala
180 185 190

Phe Arg Thr Leu Gly Leu
195

<210> 279

<211> 199

<212> PRT

<213> Bos taurus

<400> 279

Met Asp Ser Leu Leu Lys Lys Gln Arg Gln Phe Leu Tyr Gln Phe Lys
1 5 10 15

Asn Val Arg Trp Ala Lys Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Val
20 25 30

Val Lys Arg Arg Asp Ser Pro Thr Ser Phe Ser Leu Asp Phe Gly His
35 40 45

Leu Arg Asn Lys Ala Gly Cys His Val Glu Leu Leu Phe Leu Arg Tyr
50 55 60

Ile Ser Asp Trp Asp Leu Asp Pro Gly Arg Cys Tyr Arg Val Thr Trp
65 70 75 80

Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Tyr Asp Cys Ala Arg His Val Ala Asp
85 90 95

Phe Leu Arg Gly Tyr Pro Asn Leu Ser Leu Arg Ile Phe Thr Ala Arg
100 105 110

Leu Tyr Phe Cys Asp Lys Glu Arg Lys Ala Glu Pro Glu Gly Leu Arg
115 120 125

Arg Leu His Arg Ala Gly Val Gln Ile Ala Ile Met Thr Phe Lys Asp
130 135 140

Tyr Phe Tyr Cys Trp Asn Thr Phe Val Glu Asn His Glu Arg Thr Phe
145 150 155 160

Lys Ala Trp Glu Gly Leu His Glu Asn Ser Val Arg Leu Ser Arg Gln
165 170 175

Leu Arg Arg Ile Leu Leu Pro Leu Tyr Glu Val Asp Asp Leu Arg Asp

180 185 190
Ala Phe Arg Thr Leu Gly Leu
195
<210> 280
<211> 429
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 280
Met Gly Pro Phe Cys Leu Gly Cys Ser His Arg Lys Cys Tyr Ser Pro
1 5 10 15
Ile Arg Asn Leu Ile Ser Gln Glu Thr Phe Lys Phe His Phe Lys Asn
20 25 30
Leu Gly Tyr Ala Lys Gly Arg Lys Asp Thr Phe Leu Cys Tyr Glu Val
35 40 45
Thr Arg Lys Asp Cys Asp Ser Pro Val Ser Leu His His Gly Val Phe
50 55 60
Lys Asn Lys Asp Asn Ile His Ala Glu Ile Cys Phe Leu Tyr Trp Phe
65 70 75 80
His Asp Lys Val Leu Lys Val Leu Ser Pro Arg Glu Glu Phe Lys Ile
85 90 95
Thr Trp Tyr Met Ser Trp Ser Pro Cys Phe Glu Cys Ala Glu Gln Ile
100 105 110
Val Arg Phe Leu Ala Thr His His Asn Leu Ser Leu Asp Ile Phe Ser
115 120 125
Ser Arg Leu Tyr Asn Val Gln Asp Pro Glu Thr Gln Gln Asn Leu Cys
130 135 140
Arg Leu Val Gln Glu Gly Ala Gln Val Ala Ala Met Asp Leu Tyr Glu
145 150 155 160
Phe Lys Lys Cys Trp Lys Lys Phe Val Asp Asn Gly Gly Arg Arg Phe
165 170 175
Arg Pro Trp Lys Arg Leu Leu Thr Asn Phe Arg Tyr Gln Asp Ser Lys
180 185 190

Leu Gln Glu Ile Leu Arg Pro Cys Tyr Ile Pro Val Pro Ser Ser Ser

195 200 205

Ser Ser Thr Leu Ser Asn Ile Cys Leu Thr Lys Gly Leu Pro Glu Thr

210 215 220

Arg Phe Cys Val Glu Gly Arg Arg Met Asp Pro Leu Ser Glu Glu Glu

225 230 235 240

Phe Tyr Ser Gln Phe Tyr Asn Gln Arg Val Lys His Leu Cys Tyr Tyr

245 250 255

His Arg Met Lys Pro Tyr Leu Cys Tyr Gln Leu Glu Gln Phe Asn Gly

260 265 270

Gln Ala Pro Leu Lys Gly Cys Leu Leu Ser Glu Lys Gly Lys Gln His

275 280 285

Ala Glu Ile Leu Phe Leu Asp Lys Ile Arg Ser Met Glu Leu Ser Gln

290 295 300

Val Thr Ile Thr Cys Tyr Leu Thr Trp Ser Pro Cys Pro Asn Cys Ala

305 310 315 320

Trp Gln Leu Ala Ala Phe Lys Arg Asp Arg Pro Asp Leu Ile Leu His

325 330 335

Ile Tyr Thr Ser Arg Leu Tyr Phe His Trp Lys Arg Pro Phe Gln Lys

340 345 350

Gly Leu Cys Ser Leu Trp Gln Ser Gly Ile Leu Val Asp Val Met Asp

355 360 365

Leu Pro Gln Phe Thr Asp Cys Trp Thr Asn Phe Val Asn Pro Lys Arg

370 375 380

Pro Phe Trp Pro Trp Lys Gly Leu Glu Ile Ile Ser Arg Arg Thr Gln

385 390 395 400

Arg Arg Leu Arg Arg Ile Lys Glu Ser Trp Gly Leu Gln Asp Leu Val

405 410 415

Asn Asp Phe Gly Asn Leu Gln Leu Gly Pro Pro Met Ser

420 425

<210> 281

<211> 429

<212> PRT

<213> Rattus rattus

<400> 281

Met Gly Pro Phe Cys Leu Gly Cys Ser His Arg Lys Cys Tyr Ser Pro

1 5 10 15

Ile Arg Asn Leu Ile Ser Gln Glu Thr Phe Lys Phe His Phe Lys Asn

20 25 30

Leu Arg Tyr Ala Ile Asp Arg Lys Asp Thr Phe Leu Cys Tyr Glu Val

35 40 45

Thr Arg Lys Asp Cys Asp Ser Pro Val Ser Leu His His Gly Val Phe

50 55 60

Lys Asn Lys Asp Asn Ile His Ala Glu Ile Cys Phe Leu Tyr Trp Phe

65 70 75 80

His Asp Lys Val Leu Lys Val Leu Ser Pro Arg Glu Glu Phe Lys Ile

85 90 95

Thr Trp Tyr Met Ser Trp Ser Pro Cys Phe Glu Cys Ala Glu Gln Val

100 105 110

Leu Arg Phe Leu Ala Thr His His Asn Leu Ser Leu Asp Ile Phe Ser

115 120 125

Ser Arg Leu Tyr Asn Ile Arg Asp Pro Glu Asn Gln Gln Asn Leu Cys

130 135 140

Arg Leu Val Gln Glu Gly Ala Gln Val Ala Ala Met Asp Leu Tyr Glu

145 150 155 160

Phe Lys Lys Cys Trp Lys Lys Phe Val Asp Asn Gly Gly Arg Arg Phe

165 170 175

Arg Pro Trp Lys Lys Leu Leu Thr Asn Phe Arg Tyr Gln Asp Ser Lys

180 185 190

Leu Gln Glu Ile Leu Arg Pro Cys Tyr Ile Pro Val Pro Ser Ser Ser

195 200 205

Ser Ser Thr Leu Ser Asn Ile Cys Leu Thr Lys Gly Leu Pro Glu Thr

210 215 220
 Arg Phe Cys Val Glu Arg Arg Arg Val His Leu Leu Ser Glu Glu Glu
 225 230 235 240
 Phe Tyr Ser Gln Phe Tyr Asn Gln Arg Val Lys His Leu Cys Tyr Tyr
 245 250 255
 His Gly Val Lys Pro Tyr Leu Cys Tyr Gln Leu Glu Gln Phe Asn Gly
 260 265 270

 Gln Ala Pro Leu Lys Gly Cys Leu Leu Ser Glu Lys Gly Lys Gln His
 275 280 285
 Ala Glu Ile Leu Phe Leu Asp Lys Ile Arg Ser Met Glu Leu Ser Gln
 290 295 300
 Val Ile Ile Thr Cys Tyr Leu Thr Trp Ser Pro Cys Pro Asn Cys Ala
 305 310 315 320
 Trp Gln Leu Ala Ala Phe Lys Arg Asp Arg Pro Asp Leu Ile Leu His
 325 330 335

 Ile Tyr Thr Ser Arg Leu Tyr Phe His Trp Lys Arg Pro Phe Gln Lys
 340 345 350
 Gly Leu Cys Ser Leu Trp Gln Ser Gly Ile Leu Val Asp Val Met Asp
 355 360 365
 Leu Pro Gln Phe Thr Asp Cys Trp Thr Asn Phe Val Asn Pro Lys Arg
 370 375 380
 Pro Phe Trp Pro Trp Lys Gly Leu Glu Ile Ile Ser Arg Arg Thr Gln
 385 390 395 400

 Arg Arg Leu His Arg Ile Lys Glu Ser Trp Gly Leu Gln Asp Leu Val
 405 410 415
 Asn Asp Phe Gly Asn Leu Gln Leu Gly Pro Pro Met Ser
 420 425

 <210> 282
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Macaca mulatta
 <400> 282

Met Val Glu Pro Met Asp Pro Arg Thr Phe Val Ser Asn Phe Asn Asn
1 5 10 15
Arg Pro Ile Leu Ser Gly Leu Asn Thr Val Trp Leu Cys Cys Glu Val
20 25 30
Lys Thr Lys Asp Pro Ser Gly Pro Pro Leu Asp Ala Lys Ile Phe Gln
35 40 45
Gly Lys Val Tyr Ser Lys Ala Lys Tyr His Pro Glu Met Arg Phe Leu
50 55 60
Arg Trp Phe His Lys Trp Arg Gln Leu His His Asp Gln Glu Tyr Lys
65 70 75 80
Val Thr Trp Tyr Val Ser Trp Ser Pro Cys Thr Arg Cys Ala Asn Ser
85 90 95
Val Ala Thr Phe Leu Ala Lys Asp Pro Lys Val Thr Leu Thr Ile Phe
100 105 110
Val Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Lys Pro Asp Tyr Gln Gln Ala Leu
115 120 125
Arg Ile Leu Cys Gln Lys Arg Gly Gly Pro His Ala Thr Met Lys Ile
130 135 140
Met Asn Tyr Asn Glu Phe Gln Asp Cys Trp Asn Lys Phe Val Asp Gly
145 150 155 160
Arg Gly Lys Pro Phe Lys Pro Arg Asn Asn Leu Pro Lys His Tyr Thr
165 170 175
Leu Leu Gln Ala Thr Leu Gly Glu Leu Leu Arg His Leu Met Asp Pro
180 185 190
Gly Thr Phe Thr Ser Asn Phe Asn Asn Lys Pro Trp Val Ser Gly Gln
195 200 205
His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Lys Val Glu Arg Leu His Asn Asp Thr
210 215 220
Trp Val Pro Leu Asn Gln His Arg Gly Phe Leu Arg Asn Gln Ala Pro
225 230 235 240
Asn Ile His Gly Phe Pro Lys Gly Arg His Ala Glu Leu Cys Phe Leu

245 250 255
 Asp Leu Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Gly Gln Gln Tyr Arg Val Thr
 260 265 270
 Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala Gln Glu Met Ala

275 280 285
 Lys Phe Ile Ser Asn Asn Glu His Val Ser Leu Cys Ile Phe Ala Ala
 290 295 300
 Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg Tyr Gln Glu Gly Leu Arg Ala Leu
 305 310 315 320
 His Arg Asp Gly Ala Lys Ile Ala Met Met Asn Tyr Ser Glu Phe Glu
 325 330 335
 Tyr Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp Arg Gln Gly Arg Pro Phe Gln Pro

340 345 350
 Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Ala Leu Ser Gly Arg Leu Arg
 355 360 365
 Ala Ile
 370

<210> 283

<211> 384

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 283

Met Lys Pro His Phe Arg Asn Pro Val Glu Arg Met Tyr Gln Asp Thr
 1 5 10 15
 Phe Ser Asp Asn Phe Tyr Asn Arg Pro Ile Leu Ser His Arg Asn Thr
 20 25 30

Val Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Pro Pro
 35 40 45
 Leu Asp Ala Lys Ile Phe Arg Gly Gln Val Tyr Ser Lys Leu Lys Tyr
 50 55 60
 His Pro Glu Met Arg Phe Phe His Trp Phe Ser Lys Trp Arg Lys Leu
 65 70 75 80

His Arg Asp Gln Glu Tyr Glu Val Thr Trp Tyr Ile Ser Trp Ser Pro
85 90 95

Cys Thr Lys Cys Thr Arg Asp Val Ala Thr Phe Leu Ala Glu Asp Pro
100 105 110

Lys Val Thr Leu Thr Ile Phe Val Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Asp
115 120 125

Pro Asp Tyr Gln Glu Ala Leu Arg Ser Leu Cys Gln Lys Arg Asp Gly
130 135 140

Pro Arg Ala Thr Met Lys Ile Met Asn Tyr Asp Glu Phe Gln His Cys
145 150 155 160

Trp Ser Lys Phe Val Tyr Ser Gln Arg Glu Leu Phe Glu Pro Trp Asn
165 170 175

Asn Leu Pro Lys Tyr Tyr Ile Leu Leu His Ile Met Leu Gly Glu Ile
180 185 190

Leu Arg His Ser Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Ser Asn Phe Asn Asn
195 200 205

Glu Leu Trp Val Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val
210 215 220

Glu Arg Leu His Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly
225 230 235 240

Phe Leu Cys Asn Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg
245 250 255

His Ala Glu Leu Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp
260 265 270

Leu His Gln Asp Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys
275 280 285

Phe Ser Cys Ala Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Asn Asn Lys His
290 295 300

Val Ser Leu Cys Ile Phe Ala Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg
305 310 315 320

Cys Gln Glu Gly Leu Arg Thr Leu Ala Lys Ala Gly Ala Lys Ile Ser

325 330 335
 Ile Met Thr Tyr Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp
 340 345 350

His Gln Gly Cys Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Glu Glu His Ser
 355 360 365
 Gln Ala Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asn Gln Gly Asn
 370 375 380

<210> 284

<211> 377

<212> PRT

<213> Chlorocebus sabaeus

<400> 284

Met Asn Pro Gln Ile Arg Asn Met Val Glu Gln Met Glu Pro Asp Ile
 1 5 10 15
 Phe Val Tyr Tyr Phe Asn Asn Arg Pro Ile Leu Ser Gly Arg Asn Thr

20 25 30
 Val Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Thr Lys Asp Pro Ser Gly Pro Pro
 35 40 45
 Leu Asp Ala Asn Ile Phe Gln Gly Lys Leu Tyr Pro Glu Ala Lys Asp
 50 55 60
 His Pro Glu Met Lys Phe Leu His Trp Phe Arg Lys Trp Arg Gln Leu
 65 70 75 80
 His Arg Asp Gln Glu Tyr Glu Val Thr Trp Tyr Val Ser Trp Ser Pro

85 90 95
 Cys Thr Arg Cys Ala Asn Ser Val Ala Thr Phe Leu Ala Glu Asp Pro
 100 105 110
 Lys Val Thr Leu Thr Ile Phe Val Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Lys
 115 120 125
 Pro Asp Tyr Gln Gln Ala Leu Arg Ile Leu Cys Gln Glu Arg Gly Gly
 130 135 140
 Pro His Ala Thr Met Lys Ile Met Asn Tyr Asn Glu Phe Gln His Cys

145 150 155 160
 Trp Asn Glu Phe Val Asp Gly Gln Gly Lys Pro Phe Lys Pro Arg Lys
 165 170 175
 Asn Leu Pro Lys His Tyr Thr Leu Leu His Ala Thr Leu Gly Glu Leu
 180 185 190
 Leu Arg His Val Met Asp Pro Gly Thr Phe Thr Ser Asn Phe Asn Asn
 195 200 205
 Lys Pro Trp Val Ser Gly Gln Arg Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Lys Val

 210 215 220
 Glu Arg Ser His Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln His Arg Gly
 225 230 235 240
 Phe Leu Arg Asn Gln Ala Pro Asp Arg His Gly Phe Pro Lys Gly Arg
 245 250 255
 His Ala Glu Leu Cys Phe Leu Asp Leu Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp
 260 265 270
 Asp Gln Gln Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe

 275 280 285
 Ser Cys Ala Gln Lys Met Ala Lys Phe Ile Ser Asn Asn Lys His Val
 290 295 300
 Ser Leu Cys Ile Phe Ala Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg Cys
 305 310 315 320
 Gln Glu Gly Leu Arg Thr Leu His Arg Asp Gly Ala Lys Ile Ala Val
 325 330 335
 Met Asn Tyr Ser Glu Phe Glu Tyr Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp Arg

 340 345 350
 Gln Gly Arg Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln
 355 360 365
 Ala Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala Ile
 370 375
 <210> 285
 <211> 384
 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 285

Met Lys Pro His Phe Arg Asn Thr Val Glu Arg Met Tyr Arg Asp Thr

1 5 10 15

Phe Ser Tyr Asn Phe Tyr Asn Arg Pro Ile Leu Ser Arg Arg Asn Thr

20 25 30

Val Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Pro Pro

35 40 45

Leu Asp Ala Lys Ile Phe Arg Gly Gln Val Tyr Ser Glu Leu Lys Tyr

50 55 60

His Pro Glu Met Arg Phe Phe His Trp Phe Ser Lys Trp Arg Lys Leu

65 70 75 80

His Arg Asp Gln Glu Tyr Glu Val Thr Trp Tyr Ile Ser Trp Ser Pro

85 90 95

Cys Thr Lys Cys Thr Arg Asp Met Ala Thr Phe Leu Ala Glu Asp Pro

100 105 110

Lys Val Thr Leu Thr Ile Phe Val Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Asp

115 120 125

Pro Asp Tyr Gln Glu Ala Leu Arg Ser Leu Cys Gln Lys Arg Asp Gly

130 135 140

Pro Arg Ala Thr Met Lys Ile Met Asn Tyr Asp Glu Phe Gln His Cys

145 150 155 160

Trp Ser Lys Phe Val Tyr Ser Gln Arg Glu Leu Phe Glu Pro Trp Asn

165 170 175

Asn Leu Pro Lys Tyr Tyr Ile Leu Leu His Ile Met Leu Gly Glu Ile

180 185 190

Leu Arg His Ser Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn

195 200 205

Glu Pro Trp Val Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val

210 215 220

Glu Arg Met His Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly

225 230 235 240
 Phe Leu Cys Asn Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg
 245 250 255
 His Ala Glu Leu Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp
 260 265 270
 Leu Asp Gln Asp Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys

 275 280 285
 Phe Ser Cys Ala Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His
 290 295 300
 Val Ser Leu Cys Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg
 305 310 315 320
 Cys Gln Glu Gly Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser
 325 330 335
 Ile Met Thr Tyr Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp

 340 345 350
 His Gln Gly Cys Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser
 355 360 365
 Gln Asp Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asn Gln Glu Asn
 370 375 380
 <210> 286
 <211> 373
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 286
 Met Lys Pro His Phe Arg Asn Thr Val Glu Arg Met Tyr Arg Asp Thr
 1 5 10 15

 Phe Ser Tyr Asn Phe Tyr Asn Arg Pro Ile Leu Ser Arg Arg Asn Thr
 20 25 30
 Val Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Pro Arg
 35 40 45
 Leu Asp Ala Lys Ile Phe Arg Gly Gln Val Tyr Ser Gln Pro Glu His
 50 55 60

His Ala Glu Met Cys Phe Leu Ser Trp Phe Cys Gly Asn Gln Leu Pro
65 70 75 80

Ala Tyr Lys Cys Phe Gln Ile Thr Trp Phe Val Ser Trp Thr Pro Cys
85 90 95

Pro Asp Cys Val Ala Lys Leu Ala Glu Phe Leu Ala Glu His Pro Asn
100 105 110

Val Thr Leu Thr Ile Ser Ala Ala Arg Leu Tyr Tyr Tyr Trp Glu Arg
115 120 125

Asp Tyr Arg Arg Ala Leu Cys Arg Leu Ser Gln Ala Gly Ala Arg Val
130 135 140

Lys Ile Met Asp Asp Glu Glu Phe Ala Tyr Cys Trp Glu Asn Phe Val
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Gly Gln Pro Phe Met Pro Trp Tyr Lys Phe Asp Asp Asn
165 170 175

Tyr Ala Phe Leu His Arg Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Asn Pro Met
180 185 190

Glu Ala Met Tyr Pro His Ile Phe Tyr Phe His Phe Lys Asn Leu Arg
195 200 205

Lys Ala Tyr Gly Arg Asn Glu Ser Trp Leu Cys Phe Thr Met Glu Val
210 215 220

Val Lys His His Ser Pro Val Ser Trp Lys Arg Gly Val Phe Arg Asn
225 230 235 240

Gln Val Asp Pro Glu Thr His Cys His Ala Glu Arg Cys Phe Leu Ser
245 250 255

Trp Phe Cys Asp Asp Ile Leu Ser Pro Asn Thr Asn Tyr Glu Val Thr
260 265 270

Trp Tyr Thr Ser Trp Ser Pro Cys Pro Glu Cys Ala Gly Glu Val Ala
275 280 285

Glu Phe Leu Ala Arg His Ser Asn Val Asn Leu Thr Ile Phe Thr Ala
290 295 300

Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Asp Thr Asp Tyr Gln Glu Gly Leu Arg Ser

305 310 315 320
 Leu Ser Gln Glu Gly Ala Ser Val Glu Ile Met Gly Tyr Lys Asp Phe
 325 330 335

 Lys Tyr Cys Trp Glu Asn Phe Val Tyr Asn Asp Asp Glu Pro Phe Lys
 340 345 350
 Pro Trp Lys Gly Leu Lys Tyr Asn Phe Leu Phe Leu Asp Ser Lys Leu
 355 360 365
 Gln Glu Ile Leu Glu
 370
 <210> 287
 <211> 382
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 287

 Met Asn Pro Gln Ile Arg Asn Pro Met Glu Arg Met Tyr Arg Asp Thr
 1 5 10 15

 Phe Tyr Asp Asn Phe Glu Asn Glu Pro Ile Leu Tyr Gly Arg Ser Tyr
 20 25 30
 Thr Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Ile Lys Arg Gly Arg Ser Asn Leu
 35 40 45
 Leu Trp Asp Thr Gly Val Phe Arg Gly Gln Val Tyr Phe Lys Pro Gln
 50 55 60
 Tyr His Ala Glu Met Cys Phe Leu Ser Trp Phe Cys Gly Asn Gln Leu
 65 70 75 80

 Pro Ala Tyr Lys Cys Phe Gln Ile Thr Trp Phe Val Ser Trp Thr Pro
 85 90 95
 Cys Pro Asp Cys Val Ala Lys Leu Ala Glu Phe Leu Ser Glu His Pro
 100 105 110
 Asn Val Thr Leu Thr Ile Ser Ala Ala Arg Leu Tyr Tyr Tyr Trp Glu
 115 120 125
 Arg Asp Tyr Arg Arg Ala Leu Cys Arg Leu Ser Gln Ala Gly Ala Arg

130	135	140	
Val Thr Ile Met Asp Tyr Glu Glu Phe Ala Tyr Cys Trp Glu Asn Phe			
145	150	155	160
Val Tyr Asn Glu Gly Gln Gln Phe Met Pro Trp Tyr Lys Phe Asp Glu			
	165	170	175
Asn Tyr Ala Phe Leu His Arg Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Tyr Leu			
	180	185	190
Met Asp Pro Asp Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Asp Pro Leu Val			
	195	200	205
Leu Arg Arg Arg Gln Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Leu Asp			
	210	215	220
Asn Gly Thr Trp Val Leu Met Asp Gln His Met Gly Phe Leu Cys Asn			
225	230	235	240
Glu Ala Lys Asn Leu Leu Cys Gly Phe Tyr Gly Arg His Ala Glu Leu			
	245	250	255
Arg Phe Leu Asp Leu Val Pro Ser Leu Gln Leu Asp Pro Ala Gln Ile			
	260	265	270
Tyr Arg Val Thr Trp Phe Ile Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Trp Gly			
	275	280	285
Cys Ala Gly Glu Val Arg Ala Phe Leu Gln Glu Asn Thr His Val Arg			
	290	295	300
Leu Arg Ile Phe Ala Ala Arg Ile Tyr Asp Tyr Asp Pro Leu Tyr Lys			
305	310	315	320
Glu Ala Leu Gln Met Leu Arg Asp Ala Gly Ala Gln Val Ser Ile Met			
	325	330	335
Thr Tyr Asp Glu Phe Glu Tyr Cys Trp Asp Thr Phe Val Tyr Arg Gln			
	340	345	350
Gly Cys Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Glu Glu His Ser Gln Ala			
	355	360	365
Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asn Gln Gly Asn			
	370	375	380

<210> 288

<211> 190

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 288

Met Asn Pro Gln Ile Arg Asn Pro Met Lys Ala Met Tyr Pro Gly Thr

1 5 10 15
Phe Tyr Phe Gln Phe Lys Asn Leu Trp Glu Ala Asn Asp Arg Asn Glu

20 25 30
Thr Trp Leu Cys Phe Thr Val Glu Gly Ile Lys Arg Arg Ser Val Val

35 40 45
Ser Trp Lys Thr Gly Val Phe Arg Asn Gln Val Asp Ser Glu Thr His

50 55 60
Cys His Ala Glu Arg Cys Phe Leu Ser Trp Phe Cys Asp Asp Ile Leu

65 70 75 80
Ser Pro Asn Thr Lys Tyr Gln Val Thr Trp Tyr Thr Ser Trp Ser Pro

85 90 95
Cys Pro Asp Cys Ala Gly Glu Val Ala Glu Phe Leu Ala Arg His Ser

100 105 110
Asn Val Asn Leu Thr Ile Phe Thr Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Gln Tyr

115 120 125
Pro Cys Tyr Gln Glu Gly Leu Arg Ser Leu Ser Gln Glu Gly Val Ala

130 135 140
Val Glu Ile Met Asp Tyr Glu Asp Phe Lys Tyr Cys Trp Glu Asn Phe

145 150 155 160
Val Tyr Asn Asp Asn Glu Pro Phe Lys Pro Trp Lys Gly Leu Lys Thr

165 170 175
Asn Phe Arg Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Ser Leu Gln

180 185 190

<210> 289

<211> 199

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 289

Met Glu Ala Ser Pro Ala Ser Gly Pro Arg His Leu Met Asp Pro His

1 5 10 15

Ile Phe Thr Ser Asn Phe Asn Asn Gly Ile Gly Arg His Lys Thr Tyr

20 25 30

Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Leu Asp Asn Gly Thr Ser Val Lys Met

35 40 45

Asp Gln His Arg Gly Phe Leu His Asn Gln Ala Lys Asn Leu Leu Cys

50 55 60

Gly Phe Tyr Gly Arg His Ala Glu Leu Arg Phe Leu Asp Leu Val Pro

65 70 75 80

Ser Leu Gln Leu Asp Pro Ala Gln Ile Tyr Arg Val Thr Trp Phe Ile

85 90 95

Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Trp Gly Cys Ala Gly Glu Val Arg Ala

100 105 110

Phe Leu Gln Glu Asn Thr His Val Arg Leu Arg Ile Phe Ala Ala Arg

115 120 125

Ile Tyr Asp Tyr Asp Pro Leu Tyr Lys Glu Ala Leu Gln Met Leu Arg

130 135 140

Asp Ala Gly Ala Gln Val Ser Ile Met Thr Tyr Asp Glu Phe Lys His

145 150 155 160

Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys Pro Phe Gln Pro Trp

165 170 175

Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Ala Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala

180 185 190

Ile Leu Gln Asn Gln Gly Asn

195

<210> 290

<211> 200

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 290

Met Ala Leu Leu Thr Ala Glu Thr Phe Arg Leu Gln Phe Asn Asn Lys

1 5 10 15

Arg Arg Leu Arg Arg Pro Tyr Tyr Pro Arg Lys Ala Leu Leu Cys Tyr

20 25 30

Gln Leu Thr Pro Gln Asn Gly Ser Thr Pro Thr Arg Gly Tyr Phe Glu

35 40 45

Asn Lys Lys Lys Cys His Ala Glu Ile Cys Phe Ile Asn Glu Ile Lys

50 55 60

Ser Met Gly Leu Asp Glu Thr Gln Cys Tyr Gln Val Thr Cys Tyr Leu

65 70 75 80

Thr Trp Ser Pro Cys Ser Ser Cys Ala Trp Glu Leu Val Asp Phe Ile

85 90 95

Lys Ala His Asp His Leu Asn Leu Gly Ile Phe Ala Ser Arg Leu Tyr

100 105 110

Tyr His Trp Cys Lys Pro Gln Gln Lys Gly Leu Arg Leu Leu Cys Gly

115 120 125

Ser Gln Val Pro Val Glu Val Met Gly Phe Pro Lys Phe Ala Asp Cys

130 135 140

Trp Glu Asn Phe Val Asp His Glu Lys Pro Leu Ser Phe Asn Pro Tyr

145 150 155 160

Lys Met Leu Glu Glu Leu Asp Lys Asn Ser Arg Ala Ile Lys Arg Arg

165 170 175

Leu Glu Arg Ile Lys Ile Pro Gly Val Arg Ala Gln Gly Arg Tyr Met

180 185 190

Asp Ile Leu Cys Asp Ala Glu Val

195 200

<210> 291

<211> 386

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 291

Met Asn Pro Gln Ile Arg Asn Pro Met Glu Arg Met Tyr Arg Asp Thr

1 5 10 15

Phe Tyr Asp Asn Phe Glu Asn Glu Pro Ile Leu Tyr Gly Arg Ser Tyr

20 25 30

Thr Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Ile Lys Arg Gly Arg Ser Asn Leu

35 40 45

Leu Trp Asp Thr Gly Val Phe Arg Gly Pro Val Leu Pro Lys Arg Gln

50 55 60

Ser Asn His Arg Gln Glu Val Tyr Phe Arg Phe Glu Asn His Ala Glu

65 70 75 80

Met Cys Phe Leu Ser Trp Phe Cys Gly Asn Arg Leu Pro Ala Asn Arg

85 90 95

Arg Phe Gln Ile Thr Trp Phe Val Ser Trp Asn Pro Cys Leu Pro Cys

100 105 110

Val Val Lys Val Thr Lys Phe Leu Ala Glu His Pro Asn Val Thr Leu

115 120 125

Thr Ile Ser Ala Ala Arg Leu Tyr Tyr Tyr Arg Asp Arg Asp Trp Arg

130 135 140

Trp Val Leu Leu Arg Leu His Lys Ala Gly Ala Arg Val Lys Ile Met

145 150 155 160

Asp Tyr Glu Asp Phe Ala Tyr Cys Trp Glu Asn Phe Val Cys Asn Glu

165 170 175

Gly Gln Pro Phe Met Pro Trp Tyr Lys Phe Asp Asp Asn Tyr Ala Ser

180 185 190

Leu His Arg Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Asn Pro Met Glu Ala Met

195 200 205

Tyr Pro His Ile Phe Tyr Phe His Phe Lys Asn Leu Leu Lys Ala Cys

210 215 220

Gly Arg Asn Glu Ser Trp Leu Cys Phe Thr Met Glu Val Thr Lys His

225 230 235 240

His Ser Ala Val Phe Arg Lys Arg Gly Val Phe Arg Asn Gln Val Asp
245 250 255

Pro Glu Thr His Cys His Ala Glu Arg Cys Phe Leu Ser Trp Phe Cys
260 265 270

Asp Asp Ile Leu Ser Pro Asn Thr Asn Tyr Glu Val Thr Trp Tyr Thr
275 280 285

Ser Trp Ser Pro Cys Pro Glu Cys Ala Gly Glu Val Ala Glu Phe Leu
290 295 300

Ala Arg His Ser Asn Val Asn Leu Thr Ile Phe Thr Ala Arg Leu Cys
305 310 315 320

Tyr Phe Trp Asp Thr Asp Tyr Gln Glu Gly Leu Cys Ser Leu Ser Gln
325 330 335

Glu Gly Ala Ser Val Lys Ile Met Gly Tyr Lys Asp Phe Val Ser Cys
340 345 350

Trp Lys Asn Phe Val Tyr Ser Asp Asp Glu Pro Phe Lys Pro Trp Lys
355 360 365

Gly Leu Gln Thr Asn Phe Arg Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Ile
370 375 380

Leu Gln
385

<210> 292

<211> 236

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 292

Met Thr Ser Glu Lys Gly Pro Ser Thr Gly Asp Pro Thr Leu Arg Arg
1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro Trp Glu Phe Asp Val Phe Tyr Asp Pro Arg Glu Leu
20 25 30

Arg Lys Glu Ala Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Lys Trp Gly Met Ser Arg
35 40 45

Lys Ile Trp Arg Ser Ser Gly Lys Asn Thr Thr Asn His Val Glu Val

50 55 60
 Asn Phe Ile Lys Lys Phe Thr Ser Glu Arg Asp Phe His Pro Ser Met
 65 70 75 80
 Ser Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Trp Glu Cys

 85 90 95
 Ser Gln Ala Ile Arg Glu Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Val Thr Leu
 100 105 110
 Val Ile Tyr Val Ala Arg Leu Phe Trp His Met Asp Gln Gln Asn Arg
 115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Val Asn Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140
 Arg Ala Ser Glu Tyr Tyr His Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Pro

 145 150 155 160
 Pro Gly Asp Glu Ala His Trp Pro Gln Tyr Pro Pro Leu Trp Met Met
 165 170 175
 Leu Tyr Ala Leu Glu Leu His Cys Ile Ile Leu Ser Leu Pro Pro Cys
 180 185 190
 Leu Lys Ile Ser Arg Arg Trp Gln Asn His Leu Thr Phe Phe Arg Leu
 195 200 205
 His Leu Gln Asn Cys His Tyr Gln Thr Ile Pro Pro His Ile Leu Leu

 210 215 220
 Ala Thr Gly Leu Ile His Pro Ser Val Ala Trp Arg
 225 230 235
 <210> 293
 <211> 229
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 293
 Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
 1 5 10 15
 Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
 20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Val Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Ser Asn His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Leu Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Arg Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg His Pro Tyr Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Thr Asp Gln Arg Asn Arg

115 120 125

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met

130 135 140

Thr Glu Gln Glu Tyr Cys Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Pro

145 150 155 160

Pro Ser Asn Glu Ala Tyr Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Lys

165 170 175

Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys

180 185 190

Leu Lys Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile

195 200 205

Thr Leu Gln Thr Cys His Tyr Gln Arg Ile Pro Pro His Leu Leu Trp

210 215 220

Ala Thr Gly Leu Lys

225

<210

> 294

<211> 229

<212> PRT

<213> Rattus rattus

<400> 294

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
1 5 10 15
Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
20 25 30
Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
35 40 45
Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
50 55 60
Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
65 70 75 80
Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
85 90 95
Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu
100 105 110
Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg
115 120 125
Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
130 135 140
Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
145 150 155 160
Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg
165 170 175
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys
180 185 190
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
195 200 205
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
210 215 220
Ala Thr Gly Leu Lys
225
<210> 295
<211> 208

<212> PRT

<213> Petromyzon marinus

<400> 295

Met Thr Asp Ala Glu Tyr Val Arg Ile His Glu Lys Leu Asp Ile Tyr

1 5 10 15
Thr Phe Lys Lys Gln Phe Phe Asn Asn Lys Lys Ser Val Ser His Arg

20 25 30
Cys Tyr Val Leu Phe Glu Leu Lys Arg Arg Gly Glu Arg Arg Ala Cys

35 40 45
Phe Trp Gly Tyr Ala Val Asn Lys Pro Gln Ser Gly Thr Glu Arg Gly

50 55 60
Ile His Ala Glu Ile Phe Ser Ile Arg Lys Val Glu Glu Tyr Leu Arg

65 70 75 80
Asp Asn Pro Gly Gln Phe Thr Ile Asn Trp Tyr Ser Ser Trp Ser Pro

85 90 95
Cys Ala Asp Cys Ala Glu Lys Ile Leu Glu Trp Tyr Asn Gln Glu Leu

100 105 110
Arg Gly Asn Gly His Thr Leu Lys Ile Trp Ala Cys Lys Leu Tyr Tyr

115 120 125
Glu Lys Asn Ala Arg Asn Gln Ile Gly Leu Trp Asn Leu Arg Asp Asn

130 135 140
Gly Val Gly Leu Asn Val Met Val Ser Glu His Tyr Gln Cys Cys Arg

145 150 155 160
Lys Ile Phe Ile Gln Ser Ser His Asn Gln Leu Asn Glu Asn Arg Trp

165 170 175
Leu Glu Lys Thr Leu Lys Arg Ala Glu Lys Arg Arg Ser Glu Leu Ser

180 185 190
Ile Met Ile Gln Val Lys Ile Leu His Thr Thr Lys Ser Pro Ala Val

195 200 205

<210> 296

<211> 384

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 296

Met Lys Pro His Phe Arg Asn Thr Val Glu Arg Met Tyr Arg Asp Thr

1 5 10 15

Phe Ser Tyr Asn Phe Tyr Asn Arg Pro Ile Leu Ser Arg Arg Asn Thr

20 25 30

Val Trp Leu Cys Tyr Glu Val Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Pro Pro

35 40 45

Leu Asp Ala Lys Ile Phe Arg Gly Gln Val Tyr Ser Glu Leu Lys Tyr

50 55 60

His Pro Glu Met Arg Phe Phe His Trp Phe Ser Lys Trp Arg Lys Leu

65 70 75 80

His Arg Asp Gln Glu Tyr Glu Val Thr Trp Tyr Ile Ser Trp Ser Pro

85 90 95

Cys Thr Lys Cys Thr Arg Asp Met Ala Thr Phe Leu Ala Glu Asp Pro

100 105 110

Lys Val Thr Leu Thr Ile Phe Val Ala Arg Leu Tyr Tyr Phe Trp Asp

115 120 125

Pro Asp Tyr Gln Glu Ala Leu Arg Ser Leu Cys Gln Lys Arg Asp Gly

130 135 140

Pro Arg Ala Thr Met Lys Ile Met Asn Tyr Asp Glu Phe Gln His Cys

145 150 155 160

Trp Ser Lys Phe Val Tyr Ser Gln Arg Glu Leu Phe Glu Pro Trp Asn

165 170 175

Asn Leu Pro Lys Tyr Tyr Ile Leu Leu His Ile Met Leu Gly Glu Ile

180 185 190

Leu Arg His Ser Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn

195 200 205

Glu Pro Trp Val Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val

210 215 220

Glu Arg Met His Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly

225 230 235 240

 Phe Leu Cys Asn Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg
 245 250 255
 His Ala Glu Leu Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp
 260 265 270
 Leu Asp Gln Asp Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys
 275 280 285
 Phe Ser Cys Ala Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His
 290 295 300

 Val Ser Leu Cys Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Arg Arg Gln Gly Arg
 305 310 315 320
 Cys Gln Glu Gly Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser
 325 330 335
 Ile Met Thr Tyr Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp
 340 345 350
 His Gln Gly Cys Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser
 355 360 365

 Gln Asp Leu Ser Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Asn Gln Glu Asn
 370 375 380
 <210> 297
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 297

 Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Glu Pro Trp Val
 1 5 10 15
 Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Met His
 20 25 30
 Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly Phe Leu Cys Asn

 35 40 45
 Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg His Ala Glu Leu

50 55 60
Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Leu Asp Gln Asp
65 70 75 80
Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala
85 90 95
Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His Val Ser Leu Cys

100 105 110
Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg Cys Gln Glu Gly
115 120 125
Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser Ile Met Thr Tyr
130 135 140
Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys
145 150 155 160
Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Asp Leu Ser

165 170 175
Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln
180

<210> 298

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 298

Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Glu Pro Trp Val
1 5 10 15
Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Met His
20 25 30
Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly Phe Leu Cys Asn

35 40 45
Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg His Ala Glu Leu
50 55 60
Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Leu Asp Gln Asp
65 70 75 80

Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala
 85 90 95
 Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His Val Ser Leu Cys
 100 105 110
 Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Arg Arg Gln Gly Arg Cys Gln Glu Gly
 115 120 125
 Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser Ile Met Thr Tyr
 130 135 140
 Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys
 145 150 155 160
 Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Asp Leu Ser
 165 170 175
 Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln
 180
 <210> 299
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 299
 Met Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln Leu
 1 5 10 15
 Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu Pro Glu Glu Val Glu Glu Val
 20 25 30
 Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp
 35 40 45
 Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu
 50 55 60
 Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys
 65 70 75 80
 Ile Lys Met Leu

<210> 300

<211> 181

<212> PRT

<213> *Erwinia tasmaniensis*

<400> 300

Met Ala Ser Arg Gly Val Asn Lys Val Ile Leu Val Gly Asn Leu Gly

1 5 10 15

Gln Asp Pro Glu Val Arg Tyr Met Pro Asn Gly Gly Ala Val Ala Asn

20 25 30

Ile Thr Leu Ala Thr Ser Glu Ser Trp Arg Asp Lys Gln Thr Gly Glu

35 40 45

Thr Lys Glu Lys Thr Glu Trp His Arg Val Val Leu Phe Gly Lys Leu

50 55 60

Ala Glu Val Ala Gly Glu Tyr Leu Arg Lys Gly Ser Gln Val Tyr Ile

65 70 75 80

Glu Gly Ala Leu Gln Thr Arg Lys Trp Thr Asp Gln Ala Gly Val Glu

85 90 95

Lys Tyr Thr Thr Glu Val Val Val Asn Val Gly Gly Thr Met Gln Met

100 105 110

Leu Gly Gly Arg Ser Gln Gly Gly Gly Ala Ser Ala Gly Gly Gln Asn

115 120 125

Gly Gly Ser Asn Asn Gly Trp Gly Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gly Gly

130 135 140

Asn Gln Phe Ser Gly Gly Ala Gln Gln Gln Ala Arg Pro Gln Gln Gln

145 150 155 160

Pro Gln Gln Asn Asn Ala Pro Ala Asn Asn Glu Pro Pro Ile Asp Phe

165 170 175

Asp Asp Asp Ile Pro

180

<210> 301

<211> 209

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Synthetic Polypeptide

<400> 301

Met Ala Gly Ala Gln Asp Phe Val Pro His Thr Ala Asp Leu Ala Glu

1 5 10 15

Leu Ala Ala Ala Ala Gly Glu Cys Arg Gly Cys Gly Leu Tyr Arg Asp

20 25 30

Ala Thr Gln Ala Val Phe Gly Ala Gly Gly Arg Ser Ala Arg Ile Met

35 40 45

Met Ile Gly Glu Gln Pro Gly Asp Lys Glu Asp Leu Ala Gly Leu Pro

50 55 60

Phe Val Gly Pro Ala Gly Arg Leu Leu Asp Arg Ala Leu Glu Ala Ala

65 70 75 80

Asp Ile Asp Arg Asp Ala Leu Tyr Val Thr Asn Ala Val Lys His Phe

85 90 95

Lys Phe Thr Arg Ala Ala Gly Gly Lys Arg Arg Ile His Lys Thr Pro

100 105 110

Ser Arg Thr Glu Val Val Ala Cys Arg Pro Trp Leu Ile Ala Glu Met

115 120 125

Thr Ser Val Glu Pro Asp Val Val Val Leu Leu Gly Ala Thr Ala Ala

130 135 140

Lys Ala Leu Leu Gly Asn Asp Phe Arg Val Thr Gln His Arg Gly Glu

145 150 155 160

Val Leu His Val Asp Asp Val Pro Gly Asp Pro Ala Leu Val Ala Thr

165 170 175

Val His Pro Ser Ser Leu Leu Arg Gly Pro Lys Glu Glu Arg Glu Ser

180 185 190

Ala Phe Ala Gly Leu Val Asp Asp Leu Arg Val Ala Ala Asp Val Arg

195 200 205

Pro

<210> 302

<211> 313

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 302

Met Ile Gly Gln Lys Thr Leu Tyr Ser Phe Phe Ser Pro Ser Pro Ala

1 5 10 15

Arg Lys Arg His Ala Pro Ser Pro Glu Pro Ala Val Gln Gly Thr Gly

20 25 30

Val Ala Gly Val Pro Glu Glu Ser Gly Asp Ala Ala Ala Ile Pro Ala

35 40 45

Lys Lys Ala Pro Ala Gly Gln Glu Glu Pro Gly Thr Pro Pro Ser Ser

50 55 60

Pro Leu Ser Ala Glu Gln Leu Asp Arg Ile Gln Arg Asn Lys Ala Ala

65 70 75 80

Ala Leu Leu Arg Leu Ala Ala Arg Asn Val Pro Val Gly Phe Gly Glu

85 90 95

Ser Trp Lys Lys His Leu Ser Gly Glu Phe Gly Lys Pro Tyr Phe Ile

100 105 110

Lys Leu Met Gly Phe Val Ala Glu Glu Arg Lys His Tyr Thr Val Tyr

115 120 125

Pro Pro Pro His Gln Val Phe Thr Trp Thr Gln Met Cys Asp Ile Lys

130 135 140

Asp Val Lys Val Val Ile Leu Gly Gln Glu Pro Tyr His Gly Pro Asn

145 150 155 160

Gln Ala His Gly Leu Cys Phe Ser Val Gln Arg Pro Val Pro Pro Pro

165 170 175

Pro Ser Leu Glu Asn Ile Tyr Lys Glu Leu Ser Thr Asp Ile Glu Asp

180 185 190

Phe Val His Pro Gly His Gly Asp Leu Ser Gly Trp Ala Lys Gln Gly

195 200 205

Val Leu Leu Leu Asn Ala Val Leu Thr Val Arg Ala His Gln Ala Asn
210 215 220

Ser His Lys Glu Arg Gly Trp Glu Gln Phe Thr Asp Ala Val Val Ser
225 230 235 240

Trp Leu Asn Gln Asn Ser Asn Gly Leu Val Phe Leu Leu Trp Gly Ser
245 250 255

Tyr Ala Gln Lys Lys Gly Ser Ala Ile Asp Arg Lys Arg His His Val
260 265 270

Leu Gln Thr Ala His Pro Ser Pro Leu Ser Val Tyr Arg Gly Phe Phe
275 280 285

Gly Cys Arg His Phe Ser Lys Thr Asn Glu Leu Leu Gln Lys Ser Gly
290 295 300

Lys Lys Pro Ile Asp Trp Lys Glu Leu
305 310

<210> 303
<211> 1633
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide
<400> 303

Met Gly Ser Ser His His His His His His Met Ser Ser Glu Thr Gly
1 5 10 15

Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg Arg Ile Glu Pro His Glu
20 25 30

Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu Arg Lys Glu Thr Cys Leu
35 40 45

Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His Ser Ile Trp Arg His Thr
50 55 60

Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val Asn Phe Ile Glu Lys Phe
65 70 75 80

Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr Arg Cys Ser Ile Thr Trp

85	90	95	
Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys Ser Arg Ala Ile Thr Glu			
100	105	110	
Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu Phe Ile Tyr Ile Ala Arg			
115	120	125	
Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg Gln Gly Leu Arg Asp Leu			
130	135	140	
Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met Thr Glu Gln Glu Ser Gly			
145	150	155	160
Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser Pro Ser Asn Glu Ala His			
165	170	175	
Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg Leu Tyr Val Leu Glu Leu			
180	185	190	
Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys Leu Asn Ile Leu Arg Arg			
195	200	205	
Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile Ala Leu Gln Ser Cys His			
210	215	220	
Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp Ala Thr Gly Leu Lys Ser			
225	230	235	240
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp			
245	250	255	
Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp			
260	265	270	
Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val			
275	280	285	
Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala			
290	295	300	
Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg			
305	310	315	320
Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu			
325	330	335	

Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe

340 345 350

His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu

355 360 365

Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu

370 375 380

Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr

385 390 395 400

Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile

405 410 415

Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn

420 425 430

Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln

435 440 445

Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala

450 455 460

Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile

465 470 475 480

Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile

485 490 495

Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu

500 505 510

Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp

515 520 525

Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe

530 535 540

Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu

545 550 555 560

Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile

565 570 575

Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu

580 585 590
Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln

595 600 605
Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu

610 615 620
Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr

625 630 635 640
Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln

645 650 655
Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu

660 665 670
Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys

675 680 685
Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr

690 695 700
Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr

705 710 715 720
Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val

725 730 735
Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe

740 745 750
Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu

755 760 765
Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val

770 775 780
Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys

785 790 795 800
Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys

805 810 815
Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val

820 825 830

Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr

835 840 845

His Asp Leu Leu Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu

850 855 860

Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe

865 870 875 880

Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu

885 890 895

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly

900 905 910

Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln

915 920 925

Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn

930 935 940

Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu

945 950 955 960

Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu

965 970 975

His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu

980 985 990

Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His

995 1000 1005

Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr

1010 1015 1020

Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile

1025 1030 1035

Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His

1040 1045 1050

Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr

1055 1060 1065

Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp

1070	1075	1080
Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr	Asp Val Asp Ala Ile	Val Pro Gln
1085	1090	1095
Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser	Ile Asp Asn Lys Val	Leu Thr Arg
1100	1105	1110
Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys	Ser Asp Asn Val Pro	Ser Glu Glu
1115	1120	1125
Val Val Lys Lys Met Lys Asn	Tyr Trp Arg Gln Leu	Leu Asn Ala
1130	1135	1140
Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn Leu Thr	Lys Ala Glu
1145	1150	1155
Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala Gly Phe	Ile Lys Arg
1160	1165	1170
Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys His Val	Ala Gln Ile
1175	1180	1185
Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp Glu Asn	Asp Lys Leu
1190	1195	1200
Ile Arg Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys Ser Lys	Leu Val Ser
1205	1210	1215
Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys Val Arg	Glu Ile Asn
1220	1225	1230
Asn Tyr His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu Asn Ala	Val Val Gly
1235	1240	1245
Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu Glu Ser	Glu Phe Val
1250	1255	1260
Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg Lys Met	Ile Ala Lys
1265	1270	1275
Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala Lys Tyr	Phe Phe Tyr
1280	1285	1290
Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu Ile Thr	Leu Ala Asn
1295	1300	1305

Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr		
1310	1315	1320
Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg		
1325	1330	1335
Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu		
1340	1345	1350
Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg		
1355	1360	1365
Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys		
1370	1375	1380
Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu		
1385	1390	1395
Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser		
1400	1405	1410
Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe		
1415	1420	1425
Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu		
1430	1435	1440
Val Lys Lys Asp Leu Leu Leu Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe		
1445	1450	1455
Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu		
1460	1465	1470
Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn		
1475	1480	1485
Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro		
1490	1495	1500
Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His		
1505	1510	1515
Tyr Leu Asp Glu Leu Leu Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg		
1520	1525	1530
Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr		

1535 1540 1545
 Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Leu
 1550 1555 1560
 Leu His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe
 1565 1570 1575
 Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr

1580 1585 1590
 Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly
 1595 1600 1605
 Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser
 1610 1615 1620

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1625 1630
 <210> 304
 <211> 1623
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 304
 Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
 1 5 10 15
 Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
 20 25 30
 Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
 35 40 45
 Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
 50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
 65 70 75 80
 Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
 85 90 95
 Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100	105	110	
Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg			
115	120	125	
Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met			
130	135	140	
Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser			
145	150	155	160
Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg			
165	170	175	
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Leu Leu Leu Gly Leu Pro Pro Cys			
180	185	190	
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile			
195	200	205	
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp			
210	215	220	
Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
225	230	235	240
Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly			
245	250	255	
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro			
260	265	270	
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys			
275	280	285	
Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu			
290	295	300	
Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys			
305	310	315	320
Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys			
325	330	335	
Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu			
340	345	350	

Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
355 360 365

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
370 375 380

Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
405 410 415

Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
420 425 430

Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
435 440 445

Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
450 455 460

Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
465 470 475 480

Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
485 490 495

Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
500 505 510

Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
515 520 525

Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
530 535 540

Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
545 550 555 560

Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
565 570 575

Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
580 585 590

Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp

595 600 605
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 610 615 620
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 625 630 635 640

 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 660 665 670
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 675 680 685
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 690 695 700

 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 705 710 715 720
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 725 730 735
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 740 745 750
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 755 760 765

 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 770 775 780
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 785 790 795 800
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 805 810 815
 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 820 825 830

 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Leu Leu Lys Asp Lys
 835 840 845

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val

850 855 860

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu

865 870 875 880

Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys

885 890 895

Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn

900 905 910

Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys

915 920 925

Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp

930 935 940

Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln

945 950 955 960

Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

965 970 975

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val

980 985 990

Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala

995 1000 1005

Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu

1010 1015 1020

Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln

1025 1030 1035

Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu

1040 1045 1050

Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val

1055 1060 1065

Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp

1070 1075 1080

Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn

1085	1090	1095
Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp	Lys Asn Arg Gly Lys	Ser Asp Asn
1100	1105	1110
Val Pro Ser Glu Glu Val Val	Lys Lys Met Lys Asn	Tyr Trp Arg
1115	1120	1125
Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu	Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn
1130	1135	1140
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1160	1165	1170
His Val Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185
Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200
Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215
Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230
Asn Ala Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245
Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260
Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275
Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290
Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1295	1300	1305
Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320

Phe Ala Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1325	1330	1335
Val Lys Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1340	1345	1350
Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1355	1360	1365
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val
1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Leu Leu	Lys Leu Pro
1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Leu Leu Glu	Gln Ile Ser
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Leu Leu His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly

1550				1555				1560						
Ala	Pro	Ala	Ala	Phe	Lys	Tyr	Phe	Asp	Thr	Thr	Ile	Asp	Arg	Lys
1565				1570				1575						
Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Lys	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Leu	Ile	His
1580				1585				1590						
Gln	Ser	Ile	Thr	Gly	Leu	Tyr	Glu	Thr	Arg	Ile	Asp	Leu	Ser	Gln
1595				1600				1605						
Leu	Gly	Gly	Asp	Ser	Gly	Gly	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Arg	Lys	Val
1610				1615				1620						

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Val Asn Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
130 135 140

Arg Ala Ser Glu Tyr Tyr His Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Pro
145 150 155 160

Pro Gly Asp Glu Ala His Trp Pro Gln Tyr Pro Pro Leu Trp Met Met
165 170 175

Leu Tyr Ala Leu Glu Leu His Cys Ile Ile Leu Ser Leu Pro Pro Cys
180 185 190

Leu Lys Ile Ser Arg Arg Trp Gln Asn His Leu Thr Phe Phe Arg Leu
195 200 205

His Leu Gln Asn Cys His Tyr Gln Thr Ile Pro Pro His Ile Leu Leu
210 215 220

Ala Thr Gly Leu Ile His Pro Ser Val Ala Trp Arg Ser Gly Ser Glu
225 230 235 240

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr
245 250 255

Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile
260 265 270

Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn
275 280 285

Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe
290 295 300

Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg
305 310 315 320

Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile
325 330 335

Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu
340 345 350

Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro
355 360 365

Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro

370 375 380
 Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala
 385 390 395 400
 Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg
 405 410 415
 Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val
 420 425 430

 Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu
 435 440 445
 Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser
 450 455 460
 Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu
 465 470 475 480
 Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser
 485 490 495

 Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp
 500 505 510
 Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn
 515 520 525
 Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala
 530 535 540
 Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn
 545 550 555 560

 Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr
 565 570 575
 Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln
 580 585 590
 Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn
 595 600 605
 Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr
 610 615 620

Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu
 625 630 635 640
 Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe
 645 650 655
 Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala
 660 665 670
 Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg
 675 680 685

 Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly
 690 695 700
 Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser
 705 710 715 720
 Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly
 725 730 735
 Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn
 740 745 750

 Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr
 755 760 765
 Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly
 770 775 780
 Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val
 785 790 795 800
 Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys
 805 810 815

 Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser
 820 825 830
 Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu
 835 840 845
 Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu
 850 855 860
 Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg

865	870	875	880
Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp			
	885	890	895
Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg			
	900	905	910
Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys			
	915	920	925
Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe			
	930	935	940
Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln			
945	950	955	960
Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala			
	965	970	975
Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val			
	980	985	990
Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu			
	995	1000	1005
Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys			
	1010	1015	1020
Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly			
	1025	1030	1035
Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu			
	1040	1045	1050
Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln			
	1055	1060	1065
Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg			
	1070	1075	1080
Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu			
	1085	1090	1095
Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys			
	1100	1105	1110

Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys		
1115	1120	1125
Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile		
1130	1135	1140
Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly		
1145	1150	1155
Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val		
1160	1165	1170
Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser		
1175	1180	1185
Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu		
1190	1195	1200
Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg		
1205	1210	1215
Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His		
1220	1225	1230
His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu		
1235	1240	1245
Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp		
1250	1255	1260
Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln		
1265	1270	1275
Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile		
1280	1285	1290
Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile		
1295	1300	1305
Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile		
1310	1315	1320
Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu		
1325	1330	1335
Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr		

1340	1345	1350
Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser	Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp
1355	1360	1365
Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys	Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly
1370	1375	1380
Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val	Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala
1385	1390	1395
Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser	Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu
1400	1405	1410
Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn
1415	1420	1425
Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys
1430	1435	1440
Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu
1445	1450	1455
Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys
1460	1465	1470
Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr
1475	1480	1485
Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys	Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn
1490	1495	1500
Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val	Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp
1505	1510	1515
Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser	Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu
1520	1525	1530
Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys	Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His
1535	1540	1545
Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu	Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu
1550	1555	1560
Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe
1565	1570	1575

Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val
1580 1585 1590

Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu
1595 1600 1605

Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser
1610 1615 1620

Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1625 1630

<210> 306

<211> 1710

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 306

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg

115 120 125

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met

130 135 140

Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser

145 150 155 160

Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg

165 170 175

Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Leu Leu Leu Gly Leu Pro Pro Cys

180 185 190

Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile

195 200 205

Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp

210 215 220

Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly

245 250 255

Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro

260 265 270

Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys

275 280 285

Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu

290 295 300

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys

305 310 315 320

Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys

325 330 335

Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu

340 345 350

Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp

355 360 365

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys

370 375 380

Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu

385					390				395				400			
Ala	Leu	Ala	His	Met	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	His	Phe	Leu	Ile	Glu	Gly	
				405				410				415				
Asp	Leu	Asn	Pro	Asp	Asn	Ser	Asp	Val	Asp	Lys	Leu	Phe	Ile	Gln	Leu	
				420				425				430				
Val	Gln	Thr	Tyr	Asn	Gln	Leu	Phe	Glu	Glu	Asn	Pro	Ile	Asn	Ala	Ser	
				435				440				445				
Gly	Val	Asp	Ala	Lys	Ala	Ile	Leu	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Lys	Ser	Arg	
				450				455				460				
Arg	Leu	Glu	Asn	Leu	Ile	Ala	Gln	Leu	Pro	Gly	Glu	Lys	Lys	Asn	Gly	
				465				470				475				
Leu	Phe	Gly	Asn	Leu	Ile	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Leu	Thr	Pro	Asn	Phe	
				485				490				495				
Lys	Ser	Asn	Phe	Asp	Leu	Ala	Glu	Asp	Ala	Lys	Leu	Gln	Leu	Ser	Lys	
				500				505				510				
Asp	Thr	Tyr	Asp	Asp	Asp	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Ala	Gln	Ile	Gly	Asp	
				515				520				525				
Gln	Tyr	Ala	Asp	Leu	Phe	Leu	Ala	Ala	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Ala	Ile	
				530				535				540				
Leu	Leu	Ser	Asp	Ile	Leu	Arg	Val	Asn	Thr	Glu	Ile	Thr	Lys	Ala	Pro	
				545				550				555				
Leu	Ser	Ala	Ser	Met	Ile	Lys	Arg	Tyr	Asp	Glu	His	His	Gln	Asp	Leu	
				565				570				575				
Thr	Leu	Leu	Lys	Ala	Leu	Val	Arg	Gln	Gln	Leu	Pro	Glu	Lys	Tyr	Lys	
				580				585				590				
Glu	Ile	Phe	Phe	Asp	Gln	Ser	Lys	Asn	Gly	Tyr	Ala	Gly	Tyr	Ile	Asp	
				595				600				605				
Gly	Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Glu	Phe	Tyr	Lys	Phe	Ile	Lys	Pro	Ile	Leu	
				610				615				620				
Glu	Lys	Met	Asp	Gly	Thr	Glu	Glu	Leu	Leu	Val	Lys	Leu	Asn	Arg	Glu	
				625				630				635				
				640				645				650				

Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 660 665 670
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 675 680 685
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 690 695 700
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 705 710 715 720
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 725 730 735
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 740 745 750
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 755 760 765
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 770 775 780
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 785 790 795 800
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 805 810 815
 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 820 825 830
 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Leu Leu Lys Asp Lys
 835 840 845
 Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
 850 855 860
 Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
 865 870 875 880
 Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys

885	890	895	
Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn			
900	905	910	
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys			
915	920	925	
Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp			
930	935	940	
Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln			
945	950	955	960
Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala			
965	970	975	
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val			
980	985	990	
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala			
995	1000	1005	
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu			
1010	1015	1020	
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
1025	1030	1035	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu			
1040	1045	1050	
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val			
1055	1060	1065	
Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp			
1070	1075	1080	
Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn			
1085	1090	1095	
Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn			
1100	1105	1110	
Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg			
1115	1120	1125	

Gln Leu	Leu Asn Ala Lys Leu	Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn
1130	1135	1140	
Leu Thr	Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155	
Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1160	1165	1170	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1295	1300	1305	
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320	
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1325	1330	1335	
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1340	1345	1350	
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys

1355	1360	1365
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val		
1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser		
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met		

1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala		
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Leu Leu Lys Leu Pro		
1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu		
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro		

1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys		
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val		
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Leu Leu Glu Gln Ile Ser		
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys		

1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu		
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Leu Leu His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly		
1550	1555	1560
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys		
1565	1570	1575
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His		

1580	1585	1590

Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln
1595 1600 1605

Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Leu Leu
1610 1615 1620

Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu
1625 1630 1635

Met Leu Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu
1640 1645 1650

Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu
1655 1660 1665

Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp
1670 1675 1680

Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met
1685 1690 1695

Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1700 1705 1710

<210> 307
<211> 1710
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide
<400> 307

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
 85 90 95
 Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu
 100 105 110

 Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg
 115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140
 Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
 145 150 155 160
 Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg
 165 170 175

 Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Leu Leu Leu Gly Leu Pro Pro Cys
 180 185 190
 Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
 195 200 205
 Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
 210 215 220
 Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 225 230 235 240

 Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
 245 250 255
 Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
 260 265 270
 Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
 275 280 285
 Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
 290 295 300

 Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 305 310 315 320
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys

325	330	335	
Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu			
340	345	350	
Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp			
355	360	365	
Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys			
370	375	380	
Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu			
385	390	395	400
Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly			
405	410	415	
Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu			
420	425	430	
Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser			
435	440	445	
Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg			
450	455	460	
Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly			
465	470	475	480
Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe			
485	490	495	
Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys			
500	505	510	
Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp			
515	520	525	
Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile			
530	535	540	
Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro			
545	550	555	560
Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu			
565	570	575	

Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
580 585 590

Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
595 600 605

Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
610 615 620

Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
625 630 635 640

Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
645 650 655

Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
660 665 670

Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
675 680 685

Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
690 695 700

Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
705 710 715 720

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
725 730 735

Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
740 745 750

Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
755 760 765

Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
770 775 780

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
785 790 795 800

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
805 810 815

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn

820	825	830	
Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Leu Leu Lys Asp Lys			
835	840	845	
Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val			
850	855	860	
Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu			
865	870	875	880
Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys			
885	890	895	
Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn			
900	905	910	
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys			
915	920	925	
Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp			
930	935	940	
Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln			
945	950	955	960
Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala			
965	970	975	
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val			
980	985	990	
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala			
995	1000	1005	
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu			
1010	1015	1020	
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
1025	1030	1035	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu			
1040	1045	1050	
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val			
1055	1060	1065	

Asp Gln	Glu Leu Asp Ile Asn	Arg Leu Ser Asp Tyr	Asp Val Asp
1070	1075	1080	
His Ile	Val Pro Gln Ser Phe	Leu Lys Asp Asp Ser	Ile Asp Asn
1085	1090	1095	
Lys Val	Leu Thr Arg Ser Asp	Lys Asn Arg Gly Lys	Ser Asp Asn
1100	1105	1110	
Val Pro	Ser Glu Glu Val Val	Lys Lys Met Lys Asn	Tyr Trp Arg
1115	1120	1125	
Gln Leu	Leu Asn Ala Lys Leu	Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn
1130	1135	1140	
Leu Thr	Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155	
Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1160	1165	1170	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu

1295	1300	1305
Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320
Phe Ala Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1325	1330	1335
Val Lys Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1340	1345	1350
Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1355	1360	1365
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val
1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Leu Leu	Lys Leu Pro
1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Leu Leu Glu	Gln Ile Ser
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1520	1525	1530

Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu
1535 1540 1545

Gln Ala Glu Asn Leu Leu His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly
1550 1555 1560

Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys
1565 1570 1575

Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His
1580 1585 1590

Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln
1595 1600 1605

Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Leu Leu
1610 1615 1620

Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu
1625 1630 1635

Met Leu Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu
1640 1645 1650

Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu
1655 1660 1665

Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp
1670 1675 1680

Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met
1685 1690 1695

Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1700 1705 1710

<210> 308

<211> 1679

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 308

Met Thr Asp Ala Glu Tyr Val Arg Ile His Glu Lys Leu Asp Ile Tyr

1	5	10	15
Thr Phe Lys Lys Gln Phe Phe Asn Asn Lys Lys Ser Val Ser His Arg			
	20	25	30
Cys Tyr Val Leu Phe Glu Leu Lys Arg Arg Gly Glu Arg Arg Ala Cys			
	35	40	45
Phe Trp Gly Tyr Ala Val Asn Lys Pro Gln Ser Gly Thr Glu Arg Gly			
	50	55	60
Ile His Ala Glu Ile Phe Ser Ile Arg Lys Val Glu Glu Tyr Leu Arg			
65	70	75	80
Asp Asn Pro Gly Gln Phe Thr Ile Asn Trp Tyr Ser Ser Trp Ser Pro			
	85	90	95
Cys Ala Asp Cys Ala Glu Lys Ile Leu Glu Trp Tyr Asn Gln Glu Leu			
	100	105	110
Arg Gly Asn Gly His Thr Leu Lys Ile Trp Ala Cys Lys Leu Tyr Tyr			
	115	120	125
Glu Lys Asn Ala Arg Asn Gln Ile Gly Leu Trp Asn Leu Arg Asp Asn			
130	135	140	
Gly Val Gly Leu Asn Val Met Val Ser Glu His Tyr Gln Cys Cys Arg			
145	150	155	160
Lys Ile Phe Ile Gln Ser Ser His Asn Gln Leu Asn Glu Asn Arg Trp			
	165	170	175
Leu Glu Lys Thr Leu Lys Arg Ala Glu Lys Arg Arg Ser Glu Leu Ser			
	180	185	190
Ile Met Ile Gln Val Lys Ile Leu His Thr Thr Lys Ser Pro Ala Val			
195	200	205	
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser			
210	215	220	
Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly			
225	230	235	240
Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys			
	245	250	255

Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly

260 265 270

Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys

275 280 285

Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr

290 295 300

Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe

305 310 315 320

Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His

325 330 335

Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His

340 345 350

Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser

355 360 365

Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met

370 375 380

Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp

385 390 395 400

Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn

405 410 415

Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys

420 425 430

Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

435 440 445

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu

450 455 460

Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

465 470 475 480

Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp

485 490 495

Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

500 505 510
Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile

515 520 525
Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met

530 535 540
Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala

545 550 555 560
Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

565 570 575
Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

580 585 590
Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly

595 600 605
Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys

610 615 620
Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly

625 630 635 640
Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu

645 650 655
Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro

660 665 670
Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met

675 680 685
Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

690 695 700
Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn

705 710 715 720
Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu

725 730 735
Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr

740 745 750

Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys

755 760 765

Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val

770 775 780

Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser

785 790 795 800

Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr

805 810 815

Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

820 825 830

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu

835 840 845

Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His

850 855 860

Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

865 870 875 880

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys

885 890 895

Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala

900 905 910

Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys

915 920 925

Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His

930 935 940

Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile

945 950 955 960

Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg

965 970 975

His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr

980 985 990

Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu

995	1000	1005
Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro		
1010	1015	1020
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr		
1025	1030	1035
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile		
1040	1045	1050
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile Val Pro Gln Ser		
1055	1060	1065
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser		
1070	1075	1080
Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val		
1085	1090	1095
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys		
1100	1105	1110
Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg		
1115	1120	1125
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln		
1130	1135	1140
Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu		
1145	1150	1155
Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile		
1160	1165	1170
Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp		
1175	1180	1185
Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn		
1190	1195	1200
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr		
1205	1210	1215
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr		
1220	1225	1230

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser		
1235	1240	1245
Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser		
1250	1255	1260
Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly		
1265	1270	1275
Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly		
1280	1285	1290
Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys		
1295	1300	1305
Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val		
1310	1315	1320
Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn		
1325	1330	1335
Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys		
1340	1345	1350
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val		
1355	1360	1365
Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val		
1370	1375	1380
Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu		
1385	1390	1395
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val		
1400	1405	1410
Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu		
1415	1420	1425
Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu		
1430	1435	1440
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe		
1445	1450	1455
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu		

1460	1465	1470
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr		
1475	1480	1485
Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val		
1490	1495	1500
Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn		
1505	1510	1515
Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile		
1520	1525	1530
His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys		
1535	1540	1545
Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys		
1550	1555	1560
Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu		
1565	1570	1575
Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly		
1580	1585	1590
Gly Ser Met Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys Glu Thr Gly		
1595	1600	1605
Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu Pro Glu Glu		
1610	1615	1620
Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp Ile Leu Val		
1625	1630	1635
His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met Leu Leu		
1640	1645	1650
Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val Ile Gln		
1655	1660	1665
Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu		
1670	1675	
<210> 309		
<211> 1689		
<212> PRT		

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 309

Met Thr Asp Ala Glu Tyr Val Arg Ile His Glu Lys Leu Asp Ile Tyr

1 5 10 15

Thr Phe Lys Lys Gln Phe Phe Asn Asn Lys Lys Ser Val Ser His Arg

20 25 30

Cys Tyr Val Leu Phe Glu Leu Lys Arg Arg Gly Glu Arg Arg Ala Cys

35 40 45

Phe Trp Gly Tyr Ala Val Asn Lys Pro Gln Ser Gly Thr Glu Arg Gly

50 55 60

Ile His Ala Glu Ile Phe Ser Ile Arg Lys Val Glu Glu Tyr Leu Arg

65 70 75 80

Asp Asn Pro Gly Gln Phe Thr Ile Asn Trp Tyr Ser Ser Trp Ser Pro

85 90 95

Cys Ala Asp Cys Ala Glu Lys Ile Leu Glu Trp Tyr Asn Gln Glu Leu

100 105 110

Arg Gly Asn Gly His Thr Leu Lys Ile Trp Ala Cys Lys Leu Tyr Tyr

115 120 125

Glu Lys Asn Ala Arg Asn Gln Ile Gly Leu Trp Asn Leu Arg Asp Asn

130 135 140

Gly Val Gly Leu Asn Val Met Val Ser Glu His Tyr Gln Cys Cys Arg

145 150 155 160

Lys Ile Phe Ile Gln Ser Ser His Asn Gln Leu Asn Glu Asn Arg Trp

165 170 175

Leu Glu Lys Thr Leu Lys Arg Ala Glu Lys Arg Arg Ser Glu Leu Ser

180 185 190

Ile Met Ile Gln Val Lys Ile Leu His Thr Thr Lys Ser Pro Ala Val

195 200 205

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

210 215 220

Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly
 225 230 235 240
 Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys
 245 250 255

Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly
 260 265 270
 Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys
 275 280 285
 Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr
 290 295 300
 Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe
 305 310 315 320

Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His
 325 330 335
 Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His
 340 345 350
 Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser
 355 360 365
 Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met
 370 375 380

Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp
 385 390 395 400
 Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn
 405 410 415
 Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
 420 425 430
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu
 435 440 445

Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 450 455 460
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp

465 470 475 480
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 485 490 495
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu
 500 505 510

 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 515 520 525
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 530 535 540
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 545 550 555 560
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp
 565 570 575

 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln
 580 585 590
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 595 600 605
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 610 615 620
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly
 625 630 635 640

 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 645 650 655
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 660 665 670
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 675 680 685
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val
 690 695 700

 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn
 705 710 715 720

Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 725 730 735
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 740 745 750
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 755 760 765

 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 770 775 780
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 785 790 795 800
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 805 810 815
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn
 820 825 830

 Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 835 840 845
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 850 855 860
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 865 870 875 880
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 885 890 895

 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala
 900 905 910
 Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys
 915 920 925
 Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His
 930 935 940
 Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 945 950 955 960

 Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg

965							970					975				
His	Lys	Pro	Glu	Asn	Ile	Val	Ile	Glu	Met	Ala	Arg	Glu	Asn	Gln	Thr	
980							985					990				
Thr	Gln	Lys	Gly	Gln	Lys	Asn	Ser	Arg	Glu	Arg	Met	Lys	Arg	Ile	Glu	
995							1000					1005				
Glu	Gly	Ile	Lys	Glu	Leu	Gly	Ser	Gln	Ile	Leu	Lys	Glu	His	Pro		
1010							1015					1020				
Val	Glu	Asn	Thr	Gln	Leu	Gln	Asn	Glu	Lys	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Tyr		
1025							1030					1035				
Leu	Gln	Asn	Gly	Arg	Asp	Met	Tyr	Val	Asp	Gln	Glu	Leu	Asp	Ile		
1040							1045					1050				
Asn	Arg	Leu	Ser	Asp	Tyr	Asp	Val	Asp	His	Ile	Val	Pro	Gln	Ser		
1055							1060					1065				
Phe	Leu	Lys	Asp	Asp	Ser	Ile	Asp	Asn	Lys	Val	Leu	Thr	Arg	Ser		
1070							1075					1080				
Asp	Lys	Asn	Arg	Gly	Lys	Ser	Asp	Asn	Val	Pro	Ser	Glu	Glu	Val		
1085							1090					1095				
Val	Lys	Lys	Met	Lys	Asn	Tyr	Trp	Arg	Gln	Leu	Leu	Asn	Ala	Lys		
1100							1105					1110				
Leu	Ile	Thr	Gln	Arg	Lys	Phe	Asp	Asn	Leu	Thr	Lys	Ala	Glu	Arg		
1115							1120					1125				
Gly	Gly	Leu	Ser	Glu	Leu	Asp	Lys	Ala	Gly	Phe	Ile	Lys	Arg	Gln		
1130							1135					1140				
Leu	Val	Glu	Thr	Arg	Gln	Ile	Thr	Lys	His	Val	Ala	Gln	Ile	Leu		
1145							1150					1155				
Asp	Ser	Arg	Met	Asn	Thr	Lys	Tyr	Asp	Glu	Asn	Asp	Lys	Leu	Ile		
1160							1165					1170				
Arg	Glu	Val	Lys	Val	Ile	Thr	Leu	Lys	Ser	Lys	Leu	Val	Ser	Asp		
1175							1180					1185				
Phe	Arg	Lys	Asp	Phe	Gln	Phe	Tyr	Lys	Val	Arg	Glu	Ile	Asn	Asn		
1190							1195					1200				

Tyr His	His Ala His Asp Ala	Tyr Leu Asn Ala Val	Val Gly Thr
1205	1210	1215	
Ala Leu	Ile Lys Lys Tyr Pro	Lys Leu Glu Ser Glu	Phe Val Tyr
1220	1225	1230	
Gly Asp	Tyr Lys Val Tyr Asp	Val Arg Lys Met Ile	Ala Lys Ser
1235	1240	1245	
Glu Gln	Glu Ile Gly Lys Ala	Thr Ala Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser
1250	1255	1260	
Asn Ile	Met Asn Phe Phe Lys	Thr Glu Ile Thr Leu	Ala Asn Gly
1265	1270	1275	
Glu Ile	Arg Lys Arg Pro Leu	Ile Glu Thr Asn Gly	Glu Thr Gly
1280	1285	1290	
Glu Ile	Val Trp Asp Lys Gly	Arg Asp Phe Ala Thr	Val Arg Lys
1295	1300	1305	
Val Leu	Ser Met Pro Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Val
1310	1315	1320	
Gln Thr	Gly Gly Phe Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Pro	Lys Arg Asn
1325	1330	1335	
Ser Asp	Lys Leu Ile Ala Arg	Lys Lys Asp Trp Asp	Pro Lys Lys
1340	1345	1350	
Tyr Gly	Gly Phe Asp Ser Pro	Thr Val Ala Tyr Ser	Val Leu Val
1355	1360	1365	
Val Ala	Lys Val Glu Lys Gly	Lys Ser Lys Lys Leu	Lys Ser Val
1370	1375	1380	
Lys Glu	Leu Leu Gly Ile Thr	Ile Met Glu Arg Ser	Ser Phe Glu
1385	1390	1395	
Lys Asn	Pro Ile Asp Phe Leu	Glu Ala Lys Gly Tyr	Lys Glu Val
1400	1405	1410	
Lys Lys	Asp Leu Ile Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu
1415	1420	1425	
Leu Glu	Asn Gly Arg Lys Arg	Met Leu Ala Ser Ala	Gly Glu Leu

1430	1435	1440
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala	Leu Pro Ser Lys Tyr	Val Asn Phe
1445	1450	1455
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr	Glu Lys Leu Lys Gly	Ser Pro Glu
1460	1465	1470
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu	Phe Val Glu Gln His	Lys His Tyr
1475	1480	1485
Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln	Ile Ser Glu Phe Ser	Lys Arg Val
1490	1495	1500
Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu	Asp Lys Val Leu Ser	Ala Tyr Asn
1505	1510	1515
Lys His Arg Asp Lys Pro Ile	Arg Glu Gln Ala Glu	Asn Ile Ile
1520	1525	1530
His Leu Phe Thr Leu Thr Asn	Leu Gly Ala Pro Ala	Ala Phe Lys
1535	1540	1545
Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp	Arg Lys Arg Tyr Thr	Ser Thr Lys
1550	1555	1560
Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu
1565	1570	1575
Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu	Ser Gln Leu Gly Gly	Asp Ser Gly
1580	1585	1590
Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp	Ile Ile Glu Lys Glu	Thr Gly Lys
1595	1600	1605
Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser	Ile Leu Met Leu Pro	Glu Glu Val
1610	1615	1620
Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys	Pro Glu Ser Asp Ile	Leu Val His
1625	1630	1635
Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr	Asp Glu Asn Val Met	Leu Leu Thr
1640	1645	1650
Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys	Pro Trp Ala Leu Val	Ile Gln Asp
1655	1660	1665

Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser Gly Gly Ser Pro
1670 1675 1680

Lys Lys Lys Arg Lys Val
1685

<210> 310

<211> 1655

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 310

Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Glu Pro Trp Val

1 5 10 15

Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Met His

20 25 30

Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly Phe Leu Cys Asn

35 40 45

Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg His Ala Glu Leu

50 55 60

Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Leu Asp Gln Asp

65 70 75 80

Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala

85 90 95

Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His Val Ser Leu Cys

100 105 110

Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg Cys Gln Glu Gly

115 120 125

Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser Ile Met Thr Tyr

130 135 140

Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys

145 150 155 160

Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Asp Leu Ser

165 170 175
 Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 180 185 190
 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu
 195 200 205
 Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr
 210 215 220
 Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His
 225 230 235 240

 Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu
 245 250 255
 Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr
 260 265 270
 Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu
 275 280 285
 Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe
 290 295 300

 Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn
 305 310 315 320
 Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His
 325 330 335
 Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu
 340 345 350
 Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu
 355 360 365

 Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe
 370 375 380
 Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile
 385 390 395 400
 Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser
 405 410 415

Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys
420 425 430

Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr
435 440 445

Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln
450 455 460

Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln
465 470 475 480

Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser
485 490 495

Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr
500 505 510

Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His
515 520 525

Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu
530 535 540

Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly
545 550 555 560

Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys
565 570 575

Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu
580 585 590

Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser
595 600 605

Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg
610 615 620

Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu
625 630 635 640

Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg
645 650 655

Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile

660	665	670
Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln		
675	680	685
Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu		
690	695	700
Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr		
705	710	715
Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro		
725	730	735
Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe		
740	745	750
Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe		
755	760	765
Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp		
770	775	780
Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile		
785	790	795
Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu		
805	810	815
Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu		
820	825	830
Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys		
835	840	845
Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys		
850	855	860
Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp		
865	870	875
Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile		
885	890	895
His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val		
900	905	910

Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly
915 920 925

Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp
930 935 940

Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile
945 950 955 960

Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser
965 970 975

Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser
980 985 990

Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu
995 1000 1005

Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val
1010 1015 1020

Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp
1025 1030 1035

Ala Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn
1040 1045 1050

Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn
1055 1060 1065

Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg
1070 1075 1080

Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
1085 1090 1095

Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
1100 1105 1110

Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
1115 1120 1125

His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp
1130 1135 1140

Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys

1145	1150	1155
Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1160	1165	1170
Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1175	1180	1185
Asn Ala Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1190	1195	1200
Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1205	1210	1215
Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1220	1225	1230
Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1235	1240	1245
Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1250	1255	1260
Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1265	1270	1275
Phe Ala Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1280	1285	1290
Val Lys Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1295	1300	1305
Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1310	1315	1320
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val
1325	1330	1335
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser
1340	1345	1350
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1355	1360	1365
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala
1370	1375	1380

Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro
1385	1390	1395
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1400	1405	1410
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1415	1420	1425
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1430	1435	1440
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val
1445	1450	1455
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser
1460	1465	1470
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1475	1480	1485
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1490	1495	1500
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly
1505	1510	1515
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys
1520	1525	1530
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His
1535	1540	1545
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln
1550	1555	1560
Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly	Ser Met Thr Asn Leu	Ser Asp Ile
1565	1570	1575
Ile Glu Lys Glu Thr Gly Lys	Gln Leu Val Ile Gln	Glu Ser Ile
1580	1585	1590
Leu Met Leu Pro Glu Glu Val	Glu Glu Val Ile Gly	Asn Lys Pro
1595	1600	1605
Glu Ser Asp Ile Leu Val His	Thr Ala Tyr Asp Glu	Ser Thr Asp

1610 1615 1620
Glu Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro
1625 1630 1635
Trp Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys
1640 1645 1650
Met Leu
1655
<210> 311
<211> 1665
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 311
Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Glu Pro Trp Val
1 5 10 15
Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Met His
20 25 30
Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly Phe Leu Cys Asn
35 40 45
Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg His Ala Glu Leu
50 55 60

Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Leu Asp Gln Asp
65 70 75 80
Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala
85 90 95
Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His Val Ser Leu Cys
100 105 110
Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Asp Asp Gln Gly Arg Cys Gln Glu Gly
115 120 125

Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser Ile Met Thr Tyr
130 135 140
Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys

145 150 155 160
 Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Asp Leu Ser
 165 170 175
 Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
 180 185 190

 Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu
 195 200 205
 Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr
 210 215 220
 Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His
 225 230 235 240
 Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu
 245 250 255

 Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr
 260 265 270
 Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu
 275 280 285
 Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe
 290 295 300
 Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn
 305 310 315 320

 Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His
 325 330 335
 Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu
 340 345 350
 Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu
 355 360 365
 Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe
 370 375 380

 Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile
 385 390 395 400

Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser
 405 410 415
 Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys
 420 425 430
 Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr
 435 440 445

 Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln
 450 455 460
 Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln
 465 470 475 480
 Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser
 485 490 495
 Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr
 500 505 510

 Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His
 515 520 525
 Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu
 530 535 540
 Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly
 545 550 555 560
 Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys
 565 570 575

 Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu
 580 585 590
 Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser
 595 600 605
 Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg
 610 615 620
 Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu
 625 630 635 640

 Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg

645	650	655
Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile		
660	665	670
Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln		
675	680	685
Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu		
690	695	700
Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr		
705	710	715
720		
Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro		
725	730	735
Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe		
740	745	750
Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe		
755	760	765
Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp		
770	775	780
Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile		
785	790	795
800		
Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu		
805	810	815
Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu		
820	825	830
Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys		
835	840	845
Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys		
850	855	860
Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp		
865	870	875
880		
Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile		
885	890	895

His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val
 900 905 910
 Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly
 915 920 925
 Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp
 930 935 940
 Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile
 945 950 955 960

 Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser
 965 970 975
 Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser
 980 985 990
 Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu
 995 1000 1005
 Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val
 1010 1015 1020

 Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp
 1025 1030 1035
 His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn
 1040 1045 1050
 Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn
 1055 1060 1065
 Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg
 1070 1075 1080

 Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn
 1085 1090 1095
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 1100 1105 1110
 Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys
 1115 1120 1125
 His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp

1130	1135	1140
Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1145	1150	1155
Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1160	1165	1170
Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1175	1180	1185
Asn Ala Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1190	1195	1200
Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1205	1210	1215
Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1220	1225	1230
Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1235	1240	1245
Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1250	1255	1260
Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1265	1270	1275
Phe Ala Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1280	1285	1290
Val Lys Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1295	1300	1305
Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1310	1315	1320
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val
1325	1330	1335
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser
1340	1345	1350
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1355	1360	1365

Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala
1370	1375	1380
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro
1385	1390	1395
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1400	1405	1410
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1415	1420	1425
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1430	1435	1440
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val
1445	1450	1455
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser
1460	1465	1470
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1475	1480	1485
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1490	1495	1500
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly
1505	1510	1515
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys
1520	1525	1530
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His
1535	1540	1545
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln
1550	1555	1560
Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly	Ser Thr Asn Leu Ser	Asp Ile Ile
1565	1570	1575
Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln	Leu Val Ile Gln Glu	Ser Ile Leu
1580	1585	1590
Met Leu Pro Glu Glu Val Glu	Glu Val Ile Gly Asn	Lys Pro Glu

1595 1600 1605
 Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu
 1610 1615 1620

 Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp
 1625 1630 1635
 Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met
 1640 1645 1650
 Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1655 1660 1665
 <210> 312
 <211> 1665
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 312
 Met Asp Pro Pro Thr Phe Thr Phe Asn Phe Asn Asn Glu Pro Trp Val

 1 5 10 15
 Arg Gly Arg His Glu Thr Tyr Leu Cys Tyr Glu Val Glu Arg Met His
 20 25 30
 Asn Asp Thr Trp Val Leu Leu Asn Gln Arg Arg Gly Phe Leu Cys Asn
 35 40 45
 Gln Ala Pro His Lys His Gly Phe Leu Glu Gly Arg His Ala Glu Leu
 50 55 60
 Cys Phe Leu Asp Val Ile Pro Phe Trp Lys Leu Asp Leu Asp Gln Asp

 65 70 75 80
 Tyr Arg Val Thr Cys Phe Thr Ser Trp Ser Pro Cys Phe Ser Cys Ala
 85 90 95
 Gln Glu Met Ala Lys Phe Ile Ser Lys Asn Lys His Val Ser Leu Cys
 100 105 110
 Ile Phe Thr Ala Arg Ile Tyr Arg Arg Gln Gly Arg Cys Gln Glu Gly
 115 120 125

Leu Arg Thr Leu Ala Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ser Ile Met Thr Tyr

130

135

140

Ser Glu Phe Lys His Cys Trp Asp Thr Phe Val Asp His Gln Gly Cys

145

150

155

160

Pro Phe Gln Pro Trp Asp Gly Leu Asp Glu His Ser Gln Asp Leu Ser

165

170

175

Gly Arg Leu Arg Ala Ile Leu Gln Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

180

185

190

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu

195

200

205

Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr

210

215

220

Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His

225

230

235

240

Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu

245

250

255

Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr

260

265

270

Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu

275

280

285

Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe

290

295

300

Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn

305

310

315

320

Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His

325

330

335

Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu

340

345

350

Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu

355

360

365

Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe

370 375 380
 Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile

 385 390 395 400
 Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser
 405 410 415
 Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys
 420 425 430
 Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr
 435 440 445
 Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln

 450 455 460
 Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln
 465 470 475 480
 Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser
 485 490 495
 Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr
 500 505 510
 Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His

 515 520 525
 Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu
 530 535 540
 Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly
 545 550 555 560
 Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys
 565 570 575
 Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu

 580 585 590
 Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser
 595 600 605
 Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg
 610 615 620

Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu
625 630 635 640
Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg

 645 650 655
Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile
 660 665 670
Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln
 675 680 685
Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu
 690 695 700
Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr

705 710 715 720
Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro
 725 730 735
Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe
 740 745 750
Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe
 755 760 765
Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp

770 775 780
Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile
785 790 795 800
Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu
 805 810 815
Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu
 820 825 830
Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys

835 840 845
Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys
850 855 860
Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp

865 870 875 880
 Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile
 885 890 895
 His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val

 900 905 910
 Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly
 915 920 925
 Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp
 930 935 940
 Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile
 945 950 955 960
 Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser

 965 970 975
 Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser
 980 985 990
 Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu
 995 1000 1005
 Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val
 1010 1015 1020
 Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp

 1025 1030 1035
 His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn
 1040 1045 1050
 Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn
 1055 1060 1065
 Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg
 1070 1075 1080
 Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn

 1085 1090 1095
 Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala
 1100 1105 1110

Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1115	1120	1125	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1130	1135	1140	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1145	1150	1155	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1160	1165	1170	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1175	1180	1185	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1190	1195	1200	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1205	1210	1215	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1220	1225	1230	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1235	1240	1245	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1250	1255	1260	
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1265	1270	1275	
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1280	1285	1290	
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1295	1300	1305	
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1310	1315	1320	
Asp Trp	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val
1325	1330	1335	
Ala Tyr	Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser

1340	1345	1350
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met	
1355	1360	1365
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala	
1370	1375	1380
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro	
1385	1390	1395
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu	
1400	1405	1410
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro	
1415	1420	1425
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys	
1430	1435	1440
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val	
1445	1450	1455
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser	
1460	1465	1470
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys	
1475	1480	1485
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu	
1490	1495	1500
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly	
1505	1510	1515
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys	
1520	1525	1530
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His	
1535	1540	1545
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln	
1550	1555	1560
Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly	Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile	
1565	1570	1575

Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu
 1580 1585 1590
 Met Leu Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu
 1595 1600 1605
 Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu
 1610 1615 1620
 Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp

1625 1630 1635
 Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met
 1640 1645 1650
 Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1655 1660 1665

<210> 313

<211> 1612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 313

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
 1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
 20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
 35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
 50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
 65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
 85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu
 100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg
 115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140

 Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
 145 150 155 160
 Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg
 165 170 175
 Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys
 180 185 190
 Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
 195 200 205

 Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
 210 215 220
 Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 225 230 235 240
 Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
 245 250 255
 Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
 260 265 270

 Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
 275 280 285
 Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
 290 295 300
 Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 305 310 315 320
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 325 330 335

 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 340 345 350
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp

355 360 365
 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 370 375 380
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 385 390 395 400

 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 405 410 415
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 420 425 430
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 435 440 445
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 450 455 460

 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 465 470 475 480
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 485 490 495
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 500 505 510
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 515 520 525

 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 530 535 540
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 545 550 555 560
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 565 570 575
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 580 585 590

 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 595 600 605

Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
610 615 620

Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
625 630 635 640

Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
645 650 655

Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
660 665 670

Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
675 680 685

Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
690 695 700

Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
705 710 715 720

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
725 730 735

Glu Arg Met Thr Ala Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
740 745 750

Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
755 760 765

Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
770 775 780

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
785 790 795 800

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
805 810 815

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
820 825 830

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
835 840 845

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val

850	855	860	
Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu			
865	870	875	880
Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys			
	885	890	895
Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Ala Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn			
	900	905	910
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys			
	915	920	925
Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Ala Leu Ile His Asp Asp			
	930	935	940
Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln			
945	950	955	960
Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala			
	965	970	975
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val			
	980	985	990
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala			
	995	1000	1005
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu			
	1010	1015	1020
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
	1025	1030	1035
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu			
	1040	1045	1050
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val			
	1055	1060	1065
Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp			
	1070	1075	1080
His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn			
	1085	1090	1095

Lys Val	Leu Thr Arg Ser Asp	Lys Asn Arg Gly Lys	Ser Asp Asn
1100	1105	1110	
Val Pro	Ser Glu Glu Val Val	Lys Lys Met Lys Asn	Tyr Trp Arg
1115	1120	1125	
Gln Leu	Leu Asn Ala Lys Leu	Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn
1130	1135	1140	
Leu Thr	Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155	
Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Ala	Ile Thr Lys
1160	1165	1170	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1295	1300	1305	
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320	
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile

1325	1330	1335
Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser		
1340	1345	1350
Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys		
1355	1360	1365
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val		
1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser		
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met		
1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala		
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro		
1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu		
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro		
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys		
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val		
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser		
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys		
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu		
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly		
1550	1555	1560

Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys
1565 1570 1575

Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His
1580 1585 1590

Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln
1595 1600 1605

Leu Gly Gly Asp
1610

<210> 314

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 314

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

 Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165
 <210> 315
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 315
 Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30

 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95

 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140
 Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 316

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 316

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 317

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 317

```

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1           5           10           15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
           20           25           30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
           35           40           45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

           50           55           60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65           70           75           80
Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
           85           90           95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly Ala
           100          105          110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

           115          120          125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
           130          135          140
Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys
145          150          155          160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
           165

```

<210> 318

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 318

Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 319

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 319

Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140
 Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Asp Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 320

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 320

Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140
 Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Gly Ile Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 321

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 321

Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His Arg
115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Ile Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 322

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 322

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Ile Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 323

<211> 1561

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 323

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130	135	140	
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys			
145	150	155	160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser			
	165	170	175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala			
	180	185	190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys			
195	200	205	
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser			
210	215	220	
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr			
225	230	235	240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg			
	245	250	255
Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met			
260	265	270	
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu			
275	280	285	
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile			
290	295	300	
Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu			
305	310	315	320
Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile			
325	330	335	
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile			
340	345	350	
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile			
355	360	365	
Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn			
370	375	380	

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys

385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys

405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro

420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile

450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys

485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys

515 520 525

Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr

530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro

545 550 555 560

Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn

565 570 575

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile

580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln

595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys

610 615 620

Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly

625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr

 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala

 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880

Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
 980 985 990
 Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
 995 1000 1005
 Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
 1010 1015 1020
 Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val
 1025 1030 1035
 Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro
 1040 1045 1050
 Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu
 1055 1060 1065
 Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 1070 1075 1080
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
 1100 1105 1110
 Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val	Lys Val Ile Thr Leu	Lys Ser Lys
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys	Asp Phe Gln Phe Tyr	Lys Val Arg

1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr

1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys

1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys

1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350

Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly		
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr		
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser		
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys		
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys		
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln		
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe		
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu		
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala		
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro		
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr		
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser		
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly		
1535	1540	1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val		
1550	1555	1560
<210> 324		
<211> 1561		
<212> PRT		
<213> Artificial Sequence		

<

220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 324

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala

180 185 190

Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys

195 200 205

Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser

210 215 220

Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr

225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg

 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu

 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn

 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
515 520 525

Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
545 550 555 560

Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
565 570 575

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620

Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640

Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655

Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670

Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685

Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700

Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720

Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys

725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln

 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser

 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg

 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975

Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
995 1000 1005

Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
1010 1015 1020

Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val
1025 1030 1035

Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro
1040 1045 1050

Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu
1055 1060 1065

Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
1070 1075 1080

Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe
1085 1090 1095

Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
1100 1105 1110

Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
1115 1120 1125

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys
1130 1135 1140

Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg
1145 1150 1155

Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala
1160 1165 1170

Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser
1175 1180 1185

Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met
1190 1195 1200

Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr

1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala

1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr

1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr

1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln

1430	1435	1440

His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe
1445 1450 1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu
1460 1465 1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala
1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro
1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr
1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly
1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1550 1555 1560

<210> 325
<211> 1561
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide
<400> 325

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly
 100 105 110

 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 165 170 175

 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240

 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300

 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile

325	330	335	
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile			
340	345	350	
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile			
355	360	365	
Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn			
370	375	380	
Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys			
385	390	395	400
Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys			
405	410	415	
Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro			
420	425	430	
Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu			
435	440	445	
Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile			
450	455	460	
Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp			
465	470	475	480
Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys			
485	490	495	
Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln			
500	505	510	
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys			
515	520	525	
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr			
530	535	540	
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro			
545	550	555	560
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn			
565	570	575	

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620

 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685

 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750

 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815

 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln

820	825	830	
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu			
835	840	845	
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe			
850	855	860	
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His			
865	870	875	880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser			
885	890	895	
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser			
900	905	910	
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu			
915	920	925	
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu			
930	935	940	
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg			
945	950	955	960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
965	970	975	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys			
980	985	990	
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln			
995	1000	1005	
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile			
1010	1015	1020	
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val			
1025	1030	1035	
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro			
1040	1045	1050	
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu			
1055	1060	1065	

Leu Asn	Ala Lys	Leu Ile	Thr	Gln Arg	Lys Phe	Asp	Asn Leu	Thr
1070			1075			1080		
Lys Ala	Glu Arg	Gly Gly	Leu	Ser Glu	Leu Asp	Lys	Ala Gly	Phe
1085			1090			1095		
Ile Lys	Arg Gln	Leu Val	Glu	Thr Arg	Gln Ile	Thr	Lys His	Val
1100			1105			1110		
Ala Gln	Ile Leu	Asp Ser	Arg	Met Asn	Thr Lys	Tyr	Asp Glu	Asn
1115			1120			1125		
Asp Lys	Leu Ile	Arg Glu	Val	Lys Val	Ile Thr	Leu	Lys Ser	Lys
1130			1135			1140		
Leu Val	Ser Asp	Phe Arg	Lys	Asp Phe	Gln Phe	Tyr	Lys Val	Arg
1145			1150			1155		
Glu Ile	Asn Asn	Tyr His	His	Ala His	Asp Ala	Tyr	Leu Asn	Ala
1160			1165			1170		
Val Val	Gly Thr	Ala Leu	Ile	Lys Lys	Tyr Pro	Lys	Leu Glu	Ser
1175			1180			1185		
Glu Phe	Val Tyr	Gly Asp	Tyr	Lys Val	Tyr Asp	Val	Arg Lys	Met
1190			1195			1200		
Ile Ala	Lys Ser	Glu Gln	Glu	Ile Gly	Lys Ala	Thr	Ala Lys	Tyr
1205			1210			1215		
Phe Phe	Tyr Ser	Asn Ile	Met	Asn Phe	Phe Lys	Thr	Glu Ile	Thr
1220			1225			1230		
Leu Ala	Asn Gly	Glu Ile	Arg	Lys Arg	Pro Leu	Ile	Glu Thr	Asn
1235			1240			1245		
Gly Glu	Thr Gly	Glu Ile	Val	Trp Asp	Lys Gly	Arg	Asp Phe	Ala
1250			1255			1260		
Thr Val	Arg Lys	Val Leu	Ser	Met Pro	Gln Val	Asn	Ile Val	Lys
1265			1270			1275		
Lys Thr	Glu Val	Gln Thr	Gly	Gly Phe	Ser Lys	Glu	Ser Ile	Leu
1280			1285			1290		
Pro Lys	Arg Asn	Ser Asp	Lys	Leu Ile	Ala Arg	Lys	Lys Asp	Trp

1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr		
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys		
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg		
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly		
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr		
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser		
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys		
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys		
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln		
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe		
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu		
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala		
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro		
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr		
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser		
1520	1525	1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly
1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1550 1555 1560

<210> 326

<211> 1561

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 326

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr

 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile

 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile

 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro

420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile

450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys

485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys

515 520 525

Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr

530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro

545 550 555 560

Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn

565 570 575

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile

580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln

595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys

610 615 620

Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly

625 630 635 640

Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr

645 650 655

Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser

660 665 670
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys

675 680 685
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn

690 695 700
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala

705 710 715 720
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys

725 730 735
Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys

740 745 750
Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

755 760 765
Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

770 775 780
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

785 790 795 800
Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu

805 810 815
Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln

820 825 830
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

835 840 845
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe

850 855 860
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His

865 870 875 880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser

885 890 895
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser

900 905 910

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
915 920 925
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
930 935 940
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
945 950 955 960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
965 970 975
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
980 985 990
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
995 1000 1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
1010 1015 1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val
1025 1030 1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro
1040 1045 1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu
1055 1060 1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
1070 1075 1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe
1085 1090 1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val
1100 1105 1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn
1115 1120 1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys
1130 1135 1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg

1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser

1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn

1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp

1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly

1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380

Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser
1385 1390 1395

Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys
1400 1405 1410

Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys
1415 1420 1425

Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln
1430 1435 1440

His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe
1445 1450 1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu
1460 1465 1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala
1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro
1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr
1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly
1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1550 1555 1560

<210> 327

<211> 1648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 327

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met

260	265	270	
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu			
275	280	285	
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile			
290	295	300	
Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu			
305	310	315	320
Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile			
325	330	335	
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile			
340	345	350	
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile			
355	360	365	
Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn			
370	375	380	
Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys			
385	390	395	400
Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys			
405	410	415	
Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro			
420	425	430	
Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu			
435	440	445	
Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile			
450	455	460	
Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp			
465	470	475	480
Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys			
485	490	495	
Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln			
500	505	510	

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540

 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605

 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670

 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735

 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

755 760 765
Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

770 775 780
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

785 790 795 800

Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815

Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
835 840 845

Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
865 870 875 880

Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
885 890 895

Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
900 905 910

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
930 935 940

Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
945 950 955 960

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
965 970 975

Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
995 1000 1005

Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn		

1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala
1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro
1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr
1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly
1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys
1550 1555 1560

Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu
1565 1570 1575

Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp
1580 1585 1590

Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val
1595 1600 1605

Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu
1610 1615 1620

Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser
1625 1630 1635

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1640 1645

<210> 328

<211> 1648

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 328

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met

260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu

 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn

 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

 500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

755	760	765	
Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys			
770	775	780	
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp			
785	790	795	800
Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu			
805	810	815	
Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln			
820	825	830	
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu			
835	840	845	
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe			
850	855	860	
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His			
865	870	875	880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser			
885	890	895	
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser			
900	905	910	
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu			
915	920	925	
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu			
930	935	940	
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg			
945	950	955	960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
965	970	975	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys			
980	985	990	
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln			
995	1000	1005	

Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile

1010

1015

1020

Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val

1025

1030

1035

Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro

1040

1045

1050

Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu

1055

1060

1065

Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr

1070

1075

1080

Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe

1085

1090

1095

Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

1100

1105

1110

Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn

1115

1120

1125

Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys

1130

1135

1140

Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg

1145

1150

1155

Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

1160

1165

1170

Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser

1175

1180

1185

Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met

1190

1195

1200

Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr

1205

1210

1215

Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr

1220

1225

1230

Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn

1235 1240 1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala

1250 1255 1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys

1265 1270 1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu

1280 1285 1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp

1295 1300 1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr

1310 1315 1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys

1325 1330 1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg

1340 1345 1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly

1355 1360 1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr

1370 1375 1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser

1385 1390 1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys

1400 1405 1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys

1415 1420 1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln

1430 1435 1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe

1445 1450 1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu

1460 1465 1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala

1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro

1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr

1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly

1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys

1550 1555 1560

Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu

1565 1570 1575

Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp

1580 1585 1590

Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val

1595 1600 1605

Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu

1610 1615 1620

Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser

1625 1630 1635

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1640 1645

<210> 329

<211> 1648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 329

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80

 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140

 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205

 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270

Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285

Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
340 345 350

Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
355 360 365

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500	505	510	
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys			
515	520	525	
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr			
530	535	540	
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro			
545	550	555	560
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn			
565	570	575	
Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile			
580	585	590	
Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln			
595	600	605	
Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys			
610	615	620	
Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly			
625	630	635	640
Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr			
645	650	655	
Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser			
660	665	670	
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys			
675	680	685	
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn			
690	695	700	
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala			
705	710	715	720
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys			
725	730	735	
Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys			
740	745	750	

Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

755 760 765

Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

770 775 780

Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

785 790 795 800

Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu

805 810 815

Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln

820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

835 840 845

Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe

850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His

865 870 875 880

Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser

885 890 895

Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser

900 905 910

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu

915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu

930 935 940

Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg

945 950 955 960

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln

965 970 975

Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys

980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln

995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		
1220	1225	1230

Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu

1460 1465 1470
 Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala
 1475 1480 1485
 Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro
 1490 1495 1500
 Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr
 1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser
 1520 1525 1530
 Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly
 1535 1540 1545
 Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys
 1550 1555 1560
 Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu
 1565 1570 1575

Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp
 1580 1585 1590
 Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val
 1595 1600 1605
 Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu
 1610 1615 1620
 Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser
 1625 1630 1635

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1640 1645

<210> 330

<211> 1648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 330

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly

 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

 165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr

 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270

Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285

Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
340 345 350

Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
355 360 365

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500 505 510
 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro

 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys

 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys

 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys

 740 745 750

Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
 980 985 990
 Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln

995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		
1220	1225	1230

Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn

1235

1240

1245

Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala

1250

1255

1260

Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys

1265

1270

1275

Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu

1280

1285

1290

Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp

1295

1300

1305

Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr

1310

1315

1320

Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys

1325

1330

1335

Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg

1340

1345

1350

Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly

1355

1360

1365

Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr

1370

1375

1380

Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser

1385

1390

1395

Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys

1400

1405

1410

Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys

1415

1420

1425

Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln

1430

1435

1440

His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe

1445

1450

1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu

1460 1465 1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala

1475 1480 1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro

1490 1495 1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr

1505 1510 1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

1520 1525 1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly

1535 1540 1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys

1550 1555 1560
Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu

1565 1570 1575
Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp

1580 1585 1590
Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val

1595 1600 1605
Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu

1610 1615 1620
Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser

1625 1630 1635
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1640 1645

<210> 331

<211> 1648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 331

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
1 5 10 15
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg

245	250	255
Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met		
260	265	270
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu		
275	280	285
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile		
290	295	300
Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu		
305	310	315
		320
Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile		
325	330	335
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile		
340	345	350
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile		
355	360	365
Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn		
370	375	380
Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys		
385	390	395
Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys		
405	410	415
Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro		
420	425	430
Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu		
435	440	445
Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile		
450	455	460
Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp		
465	470	475
Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys		
485	490	495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
515 520 525

Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
545 550 555 560

Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
565 570 575

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620

Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640

Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655

Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670

Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685

Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700

Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720

Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735

Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys

740 745 750
Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
755 760 765

Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
770 775 780
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
785 790 795 800
Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815
Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
835 840 845
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
850 855 860
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
865 870 875 880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
885 890 895

Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
900 905 910
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
915 920 925
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
930 935 940
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
945 950 955 960

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
965 970 975
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln		
995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		

1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu		
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala		
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro		
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr		
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser		
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly		
1535	1540	1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys		
1550	1555	1560
Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu		
1565	1570	1575
Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp		
1580	1585	1590
Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val		
1595	1600	1605
Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu		
1610	1615	1620
Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser		
1625	1630	1635
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val		
1640	1645	
<210> 332		
<211> 1648		
<212> PRT		
<213> Artificial Sequence		
<220><223> Synthetic Polypeptide		
<400> 332		

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
1 5 10 15
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg

245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu

 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile

 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys

 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
500 505 510
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
515 520 525
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
530 535 540
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
545 550 555 560
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
565 570 575
Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
580 585 590
Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605
Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620
Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640
Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655
Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735
Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys

740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe

 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu

 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys

 980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln		
995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		

1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu

1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg

1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys

1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu

1460 1465 1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala

1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro

1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr

1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly

1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys

1550 1555 1560

Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu

1565 1570 1575

Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp

1580 1585 1590

Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val

1595 1600 1605

Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu

1610 1615 1620

Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser

1625 1630 1635

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1640 1645

<210> 333

<211> 1784

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 333

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala

180 185 190

Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys

195 200 205

Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser

210 215 220

Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr

225 230 235 240

Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270

Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285

Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
340 345 350

Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
355 360 365

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys

485	490	495
Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln		
500	505	510
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys		
515	520	525
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr		
530	535	540
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro		
545	550	555
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn		
565	570	575
Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile		
580	585	590
Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln		
595	600	605
Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys		
610	615	620
Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly		
625	630	635
Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr		
645	650	655
Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser		
660	665	670
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys		
675	680	685
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn		
690	695	700
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala		
705	710	715
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys		
725	730	735

Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
740 745 750

Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
755 760 765

Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
770 775 780

Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
785 790 795 800

Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815

Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
835 840 845

Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
865 870 875 880

Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
885 890 895

Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
900 905 910

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
930 935 940

Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
945 950 955 960

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
965 970 975

Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys

980						985						990				
Leu	Tyr	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Gln	Asn	Gly	Arg	Asp	Met	Tyr	Val	Asp	Gln	
995						1000						1005				
Glu	Leu	Asp	Ile	Asn	Arg	Leu	Ser	Asp	Tyr	Asp	Val	Asp	His	Ile		
1010						1015						1020				
Val	Pro	Gln	Ser	Phe	Leu	Lys	Asp	Asp	Ser	Ile	Asp	Asn	Lys	Val		
1025						1030						1035				
Leu	Thr	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Arg	Gly	Lys	Ser	Asp	Asn	Val	Pro		
1040						1045						1050				
Ser	Glu	Glu	Val	Val	Lys	Lys	Met	Lys	Asn	Tyr	Trp	Arg	Gln	Leu		
1055						1060						1065				
Leu	Asn	Ala	Lys	Leu	Ile	Thr	Gln	Arg	Lys	Phe	Asp	Asn	Leu	Thr		
1070						1075						1080				
Lys	Ala	Glu	Arg	Gly	Gly	Leu	Ser	Glu	Leu	Asp	Lys	Ala	Gly	Phe		
1085						1090						1095				
Ile	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Arg	Gln	Ile	Thr	Lys	His	Val		
1100						1105						1110				
Ala	Gln	Ile	Leu	Asp	Ser	Arg	Met	Asn	Thr	Lys	Tyr	Asp	Glu	Asn		
1115						1120						1125				
Asp	Lys	Leu	Ile	Arg	Glu	Val	Lys	Val	Ile	Thr	Leu	Lys	Ser	Lys		
1130						1135						1140				
Leu	Val	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Asp	Phe	Gln	Phe	Tyr	Lys	Val	Arg		
1145						1150						1155				
Glu	Ile	Asn	Asn	Tyr	His	His	Ala	His	Asp	Ala	Tyr	Leu	Asn	Ala		
1160						1165						1170				
Val	Val	Gly	Thr	Ala	Leu	Ile	Lys	Lys	Tyr	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser		
1175						1180						1185				
Glu	Phe	Val	Tyr	Gly	Asp	Tyr	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Arg	Lys	Met		
1190						1195						1200				
Ile	Ala	Lys	Ser	Glu	Gln	Glu	Ile	Gly	Lys	Ala	Thr	Ala	Lys	Tyr		
1205						1210						1215				

Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe

1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Lys	Gly His Leu Thr Arg	Leu Gly Leu
1550	1555	1560
Glu Phe Phe Asp Gln Pro Ala	Val Pro Leu Ala Arg	Ala Phe Leu
1565	1570	1575
Gly Gln Val Leu Val Arg Arg	Leu Pro Asn Gly Thr	Glu Leu Arg
1580	1585	1590
Gly Arg Ile Val Glu Thr Gln	Ala Tyr Leu Gly Pro	Glu Asp Glu
1595	1600	1605
Ala Ala His Ser Arg Gly Gly	Arg Gln Thr Pro Arg	Asn Arg Gly
1610	1615	1620
Met Phe Met Lys Pro Gly Thr	Leu Tyr Val Tyr Ile	Ile Tyr Gly
1625	1630	1635
Met Tyr Phe Cys Met Asn Ile	Ser Ser Gln Gly Asp	Gly Ala Cys
1640	1645	1650
Val Leu Leu Arg Ala Leu Glu	Pro Leu Glu Gly Leu	Glu Thr Met
1655	1660	1665
Arg Gln Leu Arg Ser Thr Leu	Arg Lys Gly Thr Ala	Ser Arg Val
1670	1675	1680

Leu Lys Asp Arg Glu Leu Cys Ser Gly Pro Ser Lys Leu Cys Gln
 1685 1690 1695
 Ala Leu Ala Ile Asn Lys Ser Phe Asp Gln Arg Asp Leu Ala Gln
 1700 1705 1710
 Asp Glu Ala Val Trp Leu Glu Arg Gly Pro Leu Glu Pro Ser Glu
 1715 1720 1725

 Pro Ala Val Val Ala Ala Ala Arg Val Gly Val Gly His Ala Gly
 1730 1735 1740
 Glu Trp Ala Arg Lys Pro Leu Arg Phe Tyr Val Arg Gly Ser Pro
 1745 1750 1755
 Trp Val Ser Val Val Asp Arg Val Ala Glu Gln Asp Thr Gln Ala
 1760 1765 1770
 Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1775 1780
 <210> 334
 <211> 1784

 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 334

 Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
245 250 255
Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300
Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320
Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile

340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn

370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500 505 510
 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn

565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605
Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620
Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640
Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655
Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735
Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
740 745 750
Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
755 760 765
Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
770 775 780
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
785 790 795 800
Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815
Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

835	840	845	
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe			
850	855	860	
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His			
865	870	875	880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser			
885	890	895	
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser			
900	905	910	
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu			
915	920	925	
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu			
930	935	940	
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg			
945	950	955	960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
965	970	975	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys			
980	985	990	
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln			
995	1000	1005	
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile			
1010	1015	1020	
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val			
1025	1030	1035	
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro			
1040	1045	1050	
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu			
1055	1060	1065	
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr			
1070	1075	1080	

Lys Ala	Glu Arg Gly Gly Leu	Ser Glu Leu Asp Lys	Ala Gly Phe
1085	1090	1095	
Ile Lys	Arg Gln Leu Val Glu	Thr Arg Gln Ile Thr	Lys His Val
1100	1105	1110	
Ala Gln	Ile Leu Asp Ser Arg	Met Asn Thr Lys Tyr	Asp Glu Asn
1115	1120	1125	
Asp Lys	Leu Ile Arg Glu Val	Lys Val Ile Thr Leu	Lys Ser Lys
1130	1135	1140	
Leu Val	Ser Asp Phe Arg Lys	Asp Phe Gln Phe Tyr	Lys Val Arg
1145	1150	1155	
Glu Ile	Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170	
Val Val	Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185	
Glu Phe	Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200	
Ile Ala	Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215	
Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245	
Gly Glu	Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260	
Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275	
Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290	
Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305	
Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr

1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr

1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln

1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro

1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Lys Gly His Leu Thr Arg Leu Gly Leu

1550 1555 1560

Glu Phe Phe Asp Gln Pro Ala Val Pro Leu Ala Arg Ala Phe Leu

1565 1570 1575

Gly Gln Val Leu Val Arg Arg Leu Pro Asn Gly Thr Glu Leu Arg

1580 1585 1590

Gly Arg Ile Val Glu Thr Gln Ala Tyr Leu Gly Pro Glu Asp Glu

1595 1600 1605

Ala Ala His Ser Arg Gly Gly Arg Gln Thr Pro Arg Asn Arg Gly

1610 1615 1620

Met Phe Met Lys Pro Gly Thr Leu Tyr Val Tyr Ile Ile Tyr Gly

1625 1630 1635

Met Tyr Phe Cys Met Asn Ile Ser Ser Gln Gly Asp Gly Ala Cys

1640 1645 1650

Val Leu Leu Arg Ala Leu Glu Pro Leu Glu Gly Leu Glu Thr Met

1655 1660 1665

Arg Gln Leu Arg Ser Thr Leu Arg Lys Gly Thr Ala Ser Arg Val

1670 1675 1680

Leu Lys Asp Arg Glu Leu Cys Ser Gly Pro Ser Lys Leu Cys Gln

1685 1690 1695

Ala Leu Ala Ile Asn Lys Ser Phe Asp Gln Arg Asp Leu Ala Gln

1700 1705 1710

Asp Glu Ala Val Trp Leu Glu Arg Gly Pro Leu Glu Pro Ser Glu

1715 1720 1725

Pro Ala Val Val Ala Ala Ala Arg Val Gly Val Gly His Ala Gly

1730 1735 1740

Glu Trp Ala Arg Lys Pro Leu Arg Phe Tyr Val Arg Gly Ser Pro

1745 1750 1755

Trp Val Ser Val Val Asp Arg Val Ala Glu Gln Asp Thr Gln Ala

1760 1765 1770

Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

	1775		1780	
<210>	335			
<211>	1784			
<212>	PRT			
<213>	Artificial Sequence			
<220><223>	Synthetic Polypeptide			
<400>	335			
Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu				
1 5 10 15				
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala				
20 25 30				
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro				
35 40 45				
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg				
50 55 60				
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu				
65 70 75 80				
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His				
85 90 95				
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly				
100 105 110				
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His				
115 120 125				
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu				
130 135 140				
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys				
145 150 155 160				
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser				
165 170 175				
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala				
180 185 190				

Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205

Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220

Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240

Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270

Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285

Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
340 345 350

Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
355 360 365

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
 500 505 510

 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575

 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640

 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685

Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700

Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720

Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735

Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
740 745 750

Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
755 760 765

Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
770 775 780

Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
785 790 795 800

Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815

Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
835 840 845

Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
865 870 875 880

Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
885 890 895

Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
900 905 910

Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu

930	935	940
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg		
945	950	955
		960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln		
965	970	975
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys		
980	985	990
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln		
995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170

Val Val Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys

1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Lys	Gly His Leu Thr Arg	Leu Gly Leu
1550	1555	1560
Glu Phe Phe Asp Gln Pro Ala	Val Pro Leu Ala Arg	Ala Phe Leu
1565	1570	1575
Gly Gln Val Leu Val Arg Arg	Leu Pro Asn Gly Thr	Glu Leu Arg
1580	1585	1590
Gly Arg Ile Val Glu Thr Gln	Ala Tyr Leu Gly Pro	Glu Asp Glu
1595	1600	1605
Ala Ala His Ser Arg Gly Gly	Arg Gln Thr Pro Arg	Asn Arg Gly
1610	1615	1620
Met Phe Met Lys Pro Gly Thr	Leu Tyr Val Tyr Ile	Ile Tyr Gly
1625	1630	1635

Met Tyr Phe Cys Met Asn Ile Ser Ser Gln Gly Asp Gly Ala Cys
 1640 1645 1650
 Val Leu Leu Arg Ala Leu Glu Pro Leu Glu Gly Leu Glu Thr Met
 1655 1660 1665
 Arg Gln Leu Arg Ser Thr Leu Arg Lys Gly Thr Ala Ser Arg Val
 1670 1675 1680

Leu Lys Asp Arg Glu Leu Cys Ser Gly Pro Ser Lys Leu Cys Gln
 1685 1690 1695
 Ala Leu Ala Ile Asn Lys Ser Phe Asp Gln Arg Asp Leu Ala Gln
 1700 1705 1710
 Asp Glu Ala Val Trp Leu Glu Arg Gly Pro Leu Glu Pro Ser Glu
 1715 1720 1725
 Pro Ala Val Val Ala Ala Ala Arg Val Gly Val Gly His Ala Gly
 1730 1735 1740

Glu Trp Ala Arg Lys Pro Leu Arg Phe Tyr Val Arg Gly Ser Pro
 1745 1750 1755
 Trp Val Ser Val Val Asp Arg Val Ala Glu Gln Asp Thr Gln Ala
 1760 1765 1770
 Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1775 1780

<210> 336

<211> 1787

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 336

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
245 250 255
Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile

290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile

 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys

 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile

 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
 500 505 510
 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys

 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile

 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr

 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala

 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser

 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln

 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
 980 985 990
 Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
 995 1000 1005
 Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
 1010 1015 1020
 Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val

 1025 1030 1035

Leu Thr	Arg Ser Asp Lys Asn	Arg Gly Lys Ser Asp	Asn Val Pro
1040	1045	1050	
Ser Glu	Glu Val Val Lys Lys	Met Lys Asn Tyr Trp	Arg Gln Leu
1055	1060	1065	
Leu Asn	Ala Lys Leu Ile Thr	Gln Arg Lys Phe Asp	Asn Leu Thr
1070	1075	1080	
Lys Ala	Glu Arg Gly Gly Leu	Ser Glu Leu Asp Lys	Ala Gly Phe
1085	1090	1095	
Ile Lys	Arg Gln Leu Val Glu	Thr Arg Gln Ile Thr	Lys His Val
1100	1105	1110	
Ala Gln	Ile Leu Asp Ser Arg	Met Asn Thr Lys Tyr	Asp Glu Asn
1115	1120	1125	
Asp Lys	Leu Ile Arg Glu Val	Lys Val Ile Thr Leu	Lys Ser Lys
1130	1135	1140	
Leu Val	Ser Asp Phe Arg Lys	Asp Phe Gln Phe Tyr	Lys Val Arg
1145	1150	1155	
Glu Ile	Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170	
Val Val	Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185	
Glu Phe	Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200	
Ile Ala	Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215	
Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245	
Gly Glu	Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260	
Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys

1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu		
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp		
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr		
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys		

1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg		
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly		
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr		
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser		

1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys		
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys		
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln		
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe		

1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu		
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala		
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro		
1490	1495	1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr

1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly

1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Asp Leu Ala Ser Leu Arg Ala Gln Gln

1550 1555 1560

Ile Glu Leu Ala Ser Ser Val Ile Arg Glu Asp Arg Leu Asp Lys

1565 1570 1575

Asp Pro Pro Asp Leu Ile Ala Gly Ala Ala Val Gly Phe Glu Gln

1580 1585 1590

Gly Gly Glu Val Thr Arg Ala Ala Met Val Leu Leu Lys Tyr Pro

1595 1600 1605

Ser Leu Glu Leu Val Glu Tyr Lys Val Ala Arg Ile Ala Thr Thr

1610 1615 1620

Met Pro Tyr Ile Pro Gly Phe Leu Ser Phe Arg Glu Tyr Pro Ala

1625 1630 1635

Leu Leu Ala Ala Trp Glu Met Leu Ser Gln Lys Pro Asp Leu Val

1640 1645 1650

Phe Val Asp Gly His Gly Ile Ser His Pro Arg Arg Leu Gly Val

1655 1660 1665

Ala Ser His Phe Gly Leu Leu Val Asp Val Pro Thr Ile Gly Val

1670 1675 1680

Ala Lys Lys Arg Leu Cys Gly Lys Phe Glu Pro Leu Ser Ser Glu

1685 1690 1695

Pro Gly Ala Leu Ala Pro Leu Met Asp Lys Gly Glu Gln Leu Ala

1700 1705 1710

Trp Val Trp Arg Ser Lys Ala Arg Cys Asn Pro Leu Phe Ile Ala

1715 1720 1725

Thr Gly His Arg Val Ser Val Asp Ser Ala Leu Ala Trp Val Gln

1730 1735 1740
Arg Cys Met Lys Gly Tyr Arg Leu Pro Glu Pro Thr Arg Trp Ala

1745 1750 1755
Asp Ala Val Ala Ser Glu Arg Pro Ala Phe Val Arg Tyr Thr Ala

1760 1765 1770
Asn Gln Pro Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1775 1780 1785

<210> 337

<211> 1787

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 337

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Gly Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
 165 170 175
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205

 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270

 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335

 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys

Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655

 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720

 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780

 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845

 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser

	885	890	895
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser			
	900	905	910
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu			
	915	920	925
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu			
	930	935	940
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg			
945	950	955	960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
	965	970	975
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys			
	980	985	990
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln			
	995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile			
	1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val			
	1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro			
	1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu			
	1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr			
	1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe			
	1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val			
	1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn			
	1115	1120	1125

Asp Lys	Leu Ile Arg Glu Val	Lys Val Ile Thr Leu	Lys Ser Lys
1130	1135	1140	
Leu Val	Ser Asp Phe Arg Lys	Asp Phe Gln Phe Tyr	Lys Val Arg
1145	1150	1155	
Glu Ile	Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170	
Val Val	Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185	
Glu Phe	Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200	
Ile Ala	Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215	
Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245	
Gly Glu	Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260	
Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275	
Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290	
Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305	
Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320	
Ser Val	Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335	
Leu Lys	Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350	
Ser Ser	Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly

1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545
Gly Asp Ser Gly Gly Ser Asp	Leu Ala Ser Leu Arg	Ala Gln Gln
1550	1555	1560
Ile Glu Leu Ala Ser Ser Val	Ile Arg Glu Asp Arg	Leu Asp Lys
1565	1570	1575
Asp Pro Pro Asp Leu Ile Ala	Gly Ala Ala Val Gly	Phe Glu Gln
1580	1585	1590

Gly Gly	Glu Val Thr Arg Ala	Ala Met Val Leu Leu	Lys Tyr Pro
1595	1600	1605	
Ser Leu	Glu Leu Val Glu Tyr	Lys Val Ala Arg Ile	Ala Thr Thr
1610	1615	1620	
Met Pro	Tyr Ile Pro Gly Phe	Leu Ser Phe Arg Glu	Tyr Pro Ala
1625	1630	1635	
Leu Leu	Ala Ala Trp Glu Met	Leu Ser Gln Lys Pro	Asp Leu Val
1640	1645	1650	
Phe Val	Asp Gly His Gly Ile	Ser His Pro Arg Arg	Leu Gly Val
1655	1660	1665	
Ala Ser	His Phe Gly Leu Leu	Val Asp Val Pro Thr	Ile Gly Val
1670	1675	1680	
Ala Lys	Lys Arg Leu Cys Gly	Lys Phe Glu Pro Leu	Ser Ser Glu
1685	1690	1695	
Pro Gly	Ala Leu Ala Pro Leu	Met Asp Lys Gly Glu	Gln Leu Ala
1700	1705	1710	
Trp Val	Trp Arg Ser Lys Ala	Arg Cys Asn Pro Leu	Phe Ile Ala
1715	1720	1725	
Thr Gly	His Arg Val Ser Val	Asp Ser Ala Leu Ala	Trp Val Gln
1730	1735	1740	
Arg Cys	Met Lys Gly Tyr Arg	Leu Pro Glu Pro Thr	Arg Trp Ala
1745	1750	1755	
Asp Ala	Val Ala Ser Glu Arg	Pro Ala Phe Val Arg	Tyr Thr Ala
1760	1765	1770	
Asn Gln	Pro Ser Gly Gly Ser	Pro Lys Lys Lys Arg	Lys Val
1775	1780	1785	
<210>	338		
<211>	1787		
<212>	PRT		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polypeptide		
<400>	338		

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
1 5 10 15
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly
100 105 110
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg

245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu

 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile

 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys

 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
 420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
500 505 510
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
515 520 525
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
530 535 540
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
545 550 555 560
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
565 570 575
Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
580 585 590
Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605
Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620
Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640
Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655
Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670
Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685
Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700
Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720
Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735
Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys

740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe

 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu

 915 920 925
 Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys

 980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln		
995	1000	1005
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		

1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu

1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg

1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys

1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455

Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu

1460 1465 1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala

1475 1480 1485

Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro

1490 1495 1500

Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr

1505 1510 1515

Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser

1520 1525 1530

Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly

1535 1540 1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Asp Leu Ala Ser Leu Arg Ala Gln Gln

1550 1555 1560

Ile Glu Leu Ala Ser Ser Val Ile Arg Glu Asp Arg Leu Asp Lys

1565 1570 1575

Asp Pro Pro Asp Leu Ile Ala Gly Ala Ala Val Gly Phe Glu Gln

1580 1585 1590

Gly Gly Glu Val Thr Arg Ala Ala Met Val Leu Leu Lys Tyr Pro

1595 1600 1605

Ser Leu Glu Leu Val Glu Tyr Lys Val Ala Arg Ile Ala Thr Thr

1610 1615 1620

Met Pro Tyr Ile Pro Gly Phe Leu Ser Phe Arg Glu Tyr Pro Ala

1625 1630 1635

Leu Leu Ala Ala Trp Glu Met Leu Ser Gln Lys Pro Asp Leu Val

1640 1645 1650

Phe Val Asp Gly His Gly Ile Ser His Pro Arg Arg Leu Gly Val

1655 1660 1665

Ala Ser His Phe Gly Leu Leu Val Asp Val Pro Thr Ile Gly Val

1670 1675 1680

Ala Lys Lys Arg Leu Cys Gly Lys Phe Glu Pro Leu Ser Ser Glu

1685 1690 1695
Pro Gly Ala Leu Ala Pro Leu Met Asp Lys Gly Glu Gln Leu Ala

1700 1705 1710
Trp Val Trp Arg Ser Lys Ala Arg Cys Asn Pro Leu Phe Ile Ala

1715 1720 1725
Thr Gly His Arg Val Ser Val Asp Ser Ala Leu Ala Trp Val Gln

1730 1735 1740
Arg Cys Met Lys Gly Tyr Arg Leu Pro Glu Pro Thr Arg Trp Ala

1745 1750 1755
Asp Ala Val Ala Ser Glu Arg Pro Ala Phe Val Arg Tyr Thr Ala

1760 1765 1770
Asn Gln Pro Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1775 1780 1785

<210> 339

<211> 1787

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 339

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Val Ala Lys Thr Gly
100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
180 185 190

Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
195 200 205

Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
210 215 220

Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
225 230 235 240

Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
260 265 270

Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
275 280 285

Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile

340	345	350	
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile			
355	360	365	
Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn			
370	375	380	
Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys			
385	390	395	400
Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys			
405	410	415	
Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro			
420	425	430	
Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu			
435	440	445	
Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile			
450	455	460	
Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp			
465	470	475	480
Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys			
485	490	495	
Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln			
500	505	510	
Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys			
515	520	525	
Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr			
530	535	540	
Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro			
545	550	555	560
Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn			
565	570	575	
Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile			
580	585	590	

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
610 615 620

Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
625 630 635 640

Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
645 650 655

Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
660 665 670

Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
675 680 685

Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
690 695 700

Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
705 710 715 720

Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
725 730 735

Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
740 745 750

Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
755 760 765

Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
770 775 780

Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
785 790 795 800

Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
805 810 815

Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
820 825 830

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
 980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
 995 1000 1005
 Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
 1010 1015 1020
 Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val
 1025 1030 1035
 Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro
 1040 1045 1050

Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu
 1055 1060 1065
 Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 1070 1075 1080

Lys Ala	Glu Arg Gly Gly Leu	Ser Glu Leu Asp Lys	Ala Gly Phe
1085	1090	1095	
Ile Lys	Arg Gln Leu Val Glu	Thr Arg Gln Ile Thr	Lys His Val
1100	1105	1110	
Ala Gln	Ile Leu Asp Ser Arg	Met Asn Thr Lys Tyr	Asp Glu Asn
1115	1120	1125	
Asp Lys	Leu Ile Arg Glu Val	Lys Val Ile Thr Leu	Lys Ser Lys
1130	1135	1140	
Leu Val	Ser Asp Phe Arg Lys	Asp Phe Gln Phe Tyr	Lys Val Arg
1145	1150	1155	
Glu Ile	Asn Asn Tyr His His	Ala His Asp Ala Tyr	Leu Asn Ala
1160	1165	1170	
Val Val	Gly Thr Ala Leu Ile	Lys Lys Tyr Pro Lys	Leu Glu Ser
1175	1180	1185	
Glu Phe	Val Tyr Gly Asp Tyr	Lys Val Tyr Asp Val	Arg Lys Met
1190	1195	1200	
Ile Ala	Lys Ser Glu Gln Glu	Ile Gly Lys Ala Thr	Ala Lys Tyr
1205	1210	1215	
Phe Phe	Tyr Ser Asn Ile Met	Asn Phe Phe Lys Thr	Glu Ile Thr
1220	1225	1230	
Leu Ala	Asn Gly Glu Ile Arg	Lys Arg Pro Leu Ile	Glu Thr Asn
1235	1240	1245	
Gly Glu	Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260	
Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275	
Lys Thr	Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu
1280	1285	1290	
Pro Lys	Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305	
Asp Pro	Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr

1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545

Gly Asp Ser Gly Gly Ser Asp Leu Ala Ser Leu Arg Ala Gln Gln		
1550	1555	1560
Ile Glu Leu Ala Ser Ser Val Ile Arg Glu Asp Arg Leu Asp Lys		
1565	1570	1575
Asp Pro Pro Asp Leu Ile Ala Gly Ala Ala Val Gly Phe Glu Gln		
1580	1585	1590
Gly Gly Glu Val Thr Arg Ala Ala Met Val Leu Leu Lys Tyr Pro		
1595	1600	1605
Ser Leu Glu Leu Val Glu Tyr Lys Val Ala Arg Ile Ala Thr Thr		
1610	1615	1620
Met Pro Tyr Ile Pro Gly Phe Leu Ser Phe Arg Glu Tyr Pro Ala		
1625	1630	1635
Leu Leu Ala Ala Trp Glu Met Leu Ser Gln Lys Pro Asp Leu Val		
1640	1645	1650
Phe Val Asp Gly His Gly Ile Ser His Pro Arg Arg Leu Gly Val		
1655	1660	1665
Ala Ser His Phe Gly Leu Leu Val Asp Val Pro Thr Ile Gly Val		
1670	1675	1680
Ala Lys Lys Arg Leu Cys Gly Lys Phe Glu Pro Leu Ser Ser Glu		
1685	1690	1695
Pro Gly Ala Leu Ala Pro Leu Met Asp Lys Gly Glu Gln Leu Ala		
1700	1705	1710
Trp Val Trp Arg Ser Lys Ala Arg Cys Asn Pro Leu Phe Ile Ala		
1715	1720	1725
Thr Gly His Arg Val Ser Val Asp Ser Ala Leu Ala Trp Val Gln		
1730	1735	1740
Arg Cys Met Lys Gly Tyr Arg Leu Pro Glu Pro Thr Arg Trp Ala		
1745	1750	1755
Asp Ala Val Ala Ser Glu Arg Pro Ala Phe Val Arg Tyr Thr Ala		
1760	1765	1770
Asn Gln Pro Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val		

1775 1780 1785

<210> 340

<211> 1550

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> misc_feature

<222> (155)..(155)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 340

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Xaa Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala
 180 185 190
 Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys
 195 200 205
 Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser
 210 215 220
 Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr
 225 230 235 240
 Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met
 260 265 270
 Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu
 275 280 285
 Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu
 305 310 315 320
 Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile
 325 330 335
 Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile
 340 345 350
 Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile
 355 360 365
 Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
 370 375 380
 Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
 385 390 395 400
 Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
 405 410 415
 Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro

420 425 430
 Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
 435 440 445
 Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
 450 455 460
 Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

 465 470 475 480
 Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
 485 490 495
 Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
 500 505 510
 Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr

 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln

 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser

 660 665 670

Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860
 Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu

915	920	925	
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu			
930	935	940	
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg			
945	950	955	960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
965	970	975	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys			
980	985	990	
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln			
995	1000	1005	
Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp Ala Ile			
1010	1015	1020	
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val			
1025	1030	1035	
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro			
1040	1045	1050	
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu			
1055	1060	1065	
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr			
1070	1075	1080	
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe			
1085	1090	1095	
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val			
1100	1105	1110	
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn			
1115	1120	1125	
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys			
1130	1135	1140	
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg			
1145	1150	1155	

Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala

1160 1165 1170

Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser

1175 1180 1185

Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met

1190 1195 1200

Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr

1205 1210 1215

Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr

1220 1225 1230

Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn

1235 1240 1245

Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala

1250 1255 1260

Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys

1265 1270 1275

Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu

1280 1285 1290

Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp

1295 1300 1305

Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr

1310 1315 1320

Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys

1325 1330 1335

Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg

1340 1345 1350

Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly

1355 1360 1365

Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr

1370 1375 1380

Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser

1385	1390	1395
Ala Gly	Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val	Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser	Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys	His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys	Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala	Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn	Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala	Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser	Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr	Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545
Gly Asp		
1550		
<210>	341	
<211>	1782	
<212>	PRT	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	Synthetic Polypeptide	
<400>	341	
Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu		
1	5	10
		15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala

180 185 190

Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys

195 200 205

Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser

210 215 220

Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr

225 230 235 240

Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg

245 250 255

Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met

260 265 270
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu

275 280 285
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile

290 295 300

Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu

305 310 315 320

Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile

325 330 335

Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile

340 345 350

Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile

355 360 365

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn

370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys

385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys

405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro

420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu

435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile

450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp

465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys

485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln

500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
 515 520 525
 Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
 545 550 555 560
 Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
 565 570 575
 Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
 580 585 590
 Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
 595 600 605
 Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys
 610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670
 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735
 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg

755 760 765
Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys

770 775 780
Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp

785 790 795 800
Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu

805 810 815
Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln

820 825 830
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu

835 840 845
Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe

850 855 860
Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His

865 870 875 880
Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser

885 890 895
Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser

900 905 910
Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu

915 920 925
Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu

930 935 940
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg

945 950 955 960
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln

965 970 975
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys

980 985 990
Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln

995 1000 1005

Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile		
1010	1015	1020
Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val		
1025	1030	1035
Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro		
1040	1045	1050
Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu		
1055	1060	1065
Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr		
1070	1075	1080
Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe		
1085	1090	1095
Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val		
1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn		

1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val	Trp Asp Lys Gly Arg	Asp Phe Ala
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser	Met Pro Gln Val Asn	Ile Val Lys
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly	Gly Phe Ser Lys Glu	Ser Ile Leu

1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys	Leu Ile Ala Arg Lys	Lys Asp Trp
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly	Phe Asp Ser Pro Thr	Val Ala Tyr
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys	Val Glu Lys Gly Lys	Ser Lys Lys
1325	1330	1335
Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg

1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys

1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu

1460	1465	1470

Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala		
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro		
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr		
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser		
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly		
1535	1540	1545
Gly Asp Gly Gly Ser Lys Gly His Leu Thr Arg Leu Gly Leu Glu		
1550	1555	1560
Phe Phe Asp Gln Pro Ala Val Pro Leu Ala Arg Ala Phe Leu Gly		
1565	1570	1575
Gln Val Leu Val Arg Arg Leu Pro Asn Gly Thr Glu Leu Arg Gly		
1580	1585	1590
Arg Ile Val Glu Thr Gln Ala Tyr Leu Gly Pro Glu Asp Glu Ala		
1595	1600	1605
Ala His Ser Arg Gly Gly Arg Gln Thr Pro Arg Asn Arg Gly Met		
1610	1615	1620
Phe Met Lys Pro Gly Thr Leu Tyr Val Tyr Ile Ile Tyr Gly Met		
1625	1630	1635
Tyr Phe Cys Met Asn Ile Ser Ser Gln Gly Asp Gly Ala Cys Val		
1640	1645	1650
Leu Leu Arg Ala Leu Glu Pro Leu Glu Gly Leu Glu Thr Met Arg		
1655	1660	1665
Gln Leu Arg Ser Thr Leu Arg Lys Gly Thr Ala Ser Arg Val Leu		
1670	1675	1680
Lys Asp Arg Glu Leu Cys Ser Gly Pro Ser Lys Leu Cys Gln Ala		
1685	1690	1695
Leu Ala Ile Asn Lys Ser Phe Asp Gln Arg Asp Leu Ala Gln Asp		

1700 1705 1710
 Glu Ala Val Trp Leu Glu Arg Gly Pro Leu Glu Pro Ser Glu Pro
 1715 1720 1725
 Ala Val Val Ala Ala Ala Arg Val Gly Val Gly His Ala Gly Glu
 1730 1735 1740
 Trp Ala Arg Lys Pro Leu Arg Phe Tyr Val Arg Gly Ser Pro Trp
 1745 1750 1755
 Val Ser Val Val Asp Arg Val Ala Glu Gln Asp Thr Gln Ala Gly

1760 1765 1770
 Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1775 1780

<210> 342

<211> 1785

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 342

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asn Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115	120	125	
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu			
130	135	140	
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys			
145	150	155	160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser			
165	170	175	
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala			
180	185	190	
Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys			
195	200	205	
Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser			
210	215	220	
Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr			
225	230	235	240
Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg			
245	250	255	
Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met			
260	265	270	
Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu			
275	280	285	
Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile			
290	295	300	
Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu			
305	310	315	320
Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile			
325	330	335	
Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile			
340	345	350	
Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile			
355	360	365	

Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn
370 375 380

Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys
385 390 395 400

Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys
405 410 415

Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro
420 425 430

Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu
435 440 445

Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile
450 455 460

Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp
465 470 475 480

Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys
485 490 495

Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln
500 505 510

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys
515 520 525

Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr
530 535 540

Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro
545 550 555 560

Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn
565 570 575

Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile
580 585 590

Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln
595 600 605

Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys

610 615 620
 Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly
 625 630 635 640
 Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr
 645 650 655
 Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser
 660 665 670

 Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys
 675 680 685
 Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn
 690 695 700
 Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala
 705 710 715 720
 Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys
 725 730 735

 Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys
 740 745 750
 Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg
 755 760 765
 Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys
 770 775 780
 Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp
 785 790 795 800

 Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu
 805 810 815
 Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 820 825 830
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu
 835 840 845
 Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe
 850 855 860

Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His
 865 870 875 880
 Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser
 885 890 895
 Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser
 900 905 910
 Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu
 915 920 925

Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
 930 935 940
 Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
 945 950 955 960
 Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln
 965 970 975
 Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys
 980 985 990

Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln
 995 1000 1005
 Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile
 1010 1015 1020
 Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val
 1025 1030 1035
 Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro
 1040 1045 1050

Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu
 1055 1060 1065
 Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr
 1070 1075 1080
 Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe
 1085 1090 1095
 Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val

1100	1105	1110
Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn		
1115	1120	1125
Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys		
1130	1135	1140
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg		
1145	1150	1155
Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala		
1160	1165	1170
Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser		
1175	1180	1185
Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met		
1190	1195	1200
Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr		
1205	1210	1215
Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr		
1220	1225	1230
Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn		
1235	1240	1245
Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala		
1250	1255	1260
Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys		
1265	1270	1275
Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu		
1280	1285	1290
Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp		
1295	1300	1305
Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr		
1310	1315	1320
Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys		
1325	1330	1335

Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu	Leu Gly Ile Thr Ile	Met Glu Arg
1340	1345	1350
Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro	Ile Asp Phe Leu Glu	Ala Lys Gly
1355	1360	1365
Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp	Leu Ile Ile Lys Leu	Pro Lys Tyr
1370	1375	1380
Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn	Gly Arg Lys Arg Met	Leu Ala Ser
1385	1390	1395
Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly	Asn Glu Leu Ala Leu	Pro Ser Lys
1400	1405	1410
Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu	Ala Ser His Tyr Glu	Lys Leu Lys
1415	1420	1425
Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu	Gln Lys Gln Leu Phe	Val Glu Gln
1430	1435	1440
His Lys His Tyr Leu Asp Glu	Ile Ile Glu Gln Ile	Ser Glu Phe
1445	1450	1455
Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala	Asp Ala Asn Leu Asp	Lys Val Leu
1460	1465	1470
Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg	Asp Lys Pro Ile Arg	Glu Gln Ala
1475	1480	1485
Glu Asn Ile Ile His Leu Phe	Thr Leu Thr Asn Leu	Gly Ala Pro
1490	1495	1500
Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp	Thr Thr Ile Asp Arg	Lys Arg Tyr
1505	1510	1515
Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu	Asp Ala Thr Leu Ile	His Gln Ser
1520	1525	1530
Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr	Arg Ile Asp Leu Ser	Gln Leu Gly
1535	1540	1545
Gly Asp Gly Gly Ser Asp Leu	Ala Ser Leu Arg Ala	Gln Gln Ile
1550	1555	1560
Glu Leu Ala Ser Ser Val Ile	Arg Glu Asp Arg Leu	Asp Lys Asp

1565	1570	1575
Pro Pro Asp Leu Ile Ala Gly	Ala Ala Val Gly Phe	Glu Gln Gly
1580	1585	1590
Gly Glu Val Thr Arg Ala Ala	Met Val Leu Leu Lys	Tyr Pro Ser
1595	1600	1605
Leu Glu Leu Val Glu Tyr Lys	Val Ala Arg Ile Ala	Thr Thr Met
1610	1615	1620
Pro Tyr Ile Pro Gly Phe Leu	Ser Phe Arg Glu Tyr	Pro Ala Leu
1625	1630	1635
Leu Ala Ala Trp Glu Met Leu	Ser Gln Lys Pro Asp	Leu Val Phe
1640	1645	1650
Val Asp Gly His Gly Ile Ser	His Pro Arg Arg Leu	Gly Val Ala
1655	1660	1665
Ser His Phe Gly Leu Leu Val	Asp Val Pro Thr Ile	Gly Val Ala
1670	1675	1680
Lys Lys Arg Leu Cys Gly Lys	Phe Glu Pro Leu Ser	Ser Glu Pro
1685	1690	1695
Gly Ala Leu Ala Pro Leu Met	Asp Lys Gly Glu Gln	Leu Ala Trp
1700	1705	1710
Val Trp Arg Ser Lys Ala Arg	Cys Asn Pro Leu Phe	Ile Ala Thr
1715	1720	1725
Gly His Arg Val Ser Val Asp	Ser Ala Leu Ala Trp	Val Gln Arg
1730	1735	1740
Cys Met Lys Gly Tyr Arg Leu	Pro Glu Pro Thr Arg	Trp Ala Asp
1745	1750	1755
Ala Val Ala Ser Glu Arg Pro	Ala Phe Val Arg Tyr	Thr Ala Asn
1760	1765	1770
Gln Pro Gly Gly Ser Pro Lys	Lys Lys Arg Lys Val	
1775	1780	1785

<210> 343

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 343

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

20

<210> 344

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 344

Lys Arg Pro Ala Ala Thr Lys Lys Ala Gly Gln Ala Lys Lys Lys Lys

1 5 10 15

<210> 345

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 345

Lys Lys Thr Glu Leu Gln Thr Thr Asn Ala Glu Asn Lys Thr Lys Lys

1 5 10 15

Leu

<210> 346

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400>

> 346

Lys Arg Gly Ile Asn Asp Arg Asn Phe Trp Arg Gly Glu Asn Gly Arg

1 5 10 15

Lys Thr Arg

<210> 347

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 347

Arg Lys Ser Gly Lys Ile Ala Ala Ile Val Val Lys Arg Pro Arg Lys

1 5 10 15

<210> 348

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 348

gaagcgcctg gcagtgtacc 20

<210> 349

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 349

gacgtgcgcg gccgcctggt g 21

<210> 350

<211> 306

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 350

tgctgtcat acgaaaccga gatactgaca gtagaatatg gccttctgcc aatcggaag 60

attgtggaga aacggataga atgcacagtt tactctgtcg ataacaatgg taacatttat 120

actcagccag ttgccagtg gcacgaccgg ggagagcagg aagtattcga atactgtctg 180
gaggatggaa gtctcattag ggccactaag gaccacaaat ttatgacagt cgatggccag 240
atgctgccta tagacgaaat ctttgagcga gatttgacc tcatgcgagt tgacaacctt 300
cctaata 306

<210> 351

<211> 102

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 351

Cys Leu Ser Tyr Glu Thr Glu Ile Leu Thr Val Glu Tyr Gly Leu Leu
1 5 10 15

Pro Ile Gly Lys Ile Val Glu Lys Arg Ile Glu Cys Thr Val Tyr Ser
20 25 30

Val Asp Asn Asn Gly Asn Ile Tyr Thr Gln Pro Val Ala Gln Trp His
35 40 45

Asp Arg Gly Glu Gln Glu Val Phe Glu Tyr Cys Leu Glu Asp Gly Ser
50 55 60

Leu Ile Arg Ala Thr Lys Asp His Lys Phe Met Thr Val Asp Gly Gln
65 70 75 80

Met Leu Pro Ile Asp Glu Ile Phe Glu Arg Glu Leu Asp Leu Met Arg
85 90 95

Val Asp Asn Leu Pro Asn
100

<210> 352

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 352

atgatcaaga tagctacaag gaagtatctt ggcaaacaaa acgtttatga tattggagtc 60

gaaagagatc acaactttgc tctgaagaac ggattcatag cttctaata 108

<210> 353

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 353

Met Ile Lys Ile Ala Thr Arg Lys Tyr Leu Gly Lys Gln Asn Val Tyr

1 5 10 15

Asp Ile Gly Val Glu Arg Asp His Asn Phe Ala Leu Lys Asn Gly Phe

20 25 30

Ile Ala Ser Asn

35

<210> 354

<211> 303

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 354

tgccgtgtctt atgataccga gatacttacc gttgaatatg gcttcttgcc tattggaaag 60

attgtcgaag agagaattga atgcacagta tatactgtag acaagaatgg ttctgtttac 120

acacagccca ttgtcaatg gcacaatcgc ggccaacaag aagtatttga gtactgtctc 180

gaggatggaa gcatcatagc agcaactaaa gatcataaat tcatgaccac tgacgggcag 240

atgttgccaa tagatgagat attcgagcgg ggcttggatc tcaaacaagt ggatggattg 300

cca 303

<210> 355

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 355

Cys Leu Ser Tyr Asp Thr Glu Ile Leu Thr Val Glu Tyr Gly Phe Leu

1 5 10 15

Pro Ile Gly Lys Ile Val Glu Glu Arg Ile Glu Cys Thr Val Tyr Thr

20 25 30
Val Asp Lys Asn Gly Phe Val Tyr Thr Gln Pro Ile Ala Gln Trp His
35 40 45
Asn Arg Gly Glu Gln Glu Val Phe Glu Tyr Cys Leu Glu Asp Gly Ser
50 55 60
Ile Ile Arg Ala Thr Lys Asp His Lys Phe Met Thr Thr Asp Gly Gln

65 70 75 80
Met Leu Pro Ile Asp Glu Ile Phe Glu Arg Gly Leu Asp Leu Lys Gln
85 90 95
Val Asp Gly Leu Pro
100

<210> 356

<211> 159

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 356

atgaagagga ctgccgatgg atcagagttt gaatctccca agaagaagag gaaagtaaag 60

ataatatctc gaaaaagtct tggtagccaa aatgtctatg atattggagt ggagaaagat 120

cacaacttcc ttctcaagaa cggctctcgta gccagcaac 159

<210> 357

<211> 53

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 357

Met Lys Arg Thr Ala Asp Gly Ser Glu Phe Glu Ser Pro Lys Lys Lys

1 5 10 15

Arg Lys Val Lys Ile Ile Ser Arg Lys Ser Leu Gly Thr Gln Asn Val

20 25 30

Tyr Asp Ile Gly Val Glu Lys Asp His Asn Phe Leu Leu Lys Asn Gly

35 40 45

Leu Val Ala Ser Asn

50

<210> 358

<211> 82

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 358

guuuuagagc uagaaauagc aaguuaaaau aaaggcuagu ccguuaucaa cuugaaaaag 60

uggcaccgag ucggugcuuu uu 82

<210> 359

<211> 93

<212> RNA

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 359

guuuuagagc uaugcuggaa agccacggug aaaaaguuca acuauugccu gaucggaaua 60

aaauugaacg auacgacagu cggugcuuuu uuu 93

<210> 360

<211> 82

<212> RNA

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 360

guuuuagagc uagaaauagc aaguuaaaau aaggcuaguc cguuaucaac uugaaaaagu 60

ggcaccgagu cggugcuuuu uu 82

<210> 361

<211> 97

<212> RNA

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 361

guuuuuguac ucuaagauu cauaaauuu gcagaagcua caaagauaag gcuucaugcc 60

gaaaucaaca ccugucauu uuauggcagg guguuuu 97

<210> 362

<211> 97

<212> RNA

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 362

guuuuagagc uguguuguuu guuaaaacaa cacagcgagu uaaaauaagg cuuaguccgu 60

acucaacuug aaaagguggc accgauucgg uguuuuu 97

<210> 363

<211> 74

<212> RNA

<213> C. jejuni

<400> 363

aagaaauuuu aaaagggacu aaaaauaaga guuugcggga cucugcgggg uuacaauccc 60

cuaaaaccgc uuuu 74

<210> 364

<211> 95

<212> RNA

<213> Francisella novicida

<400> 364

aucuaaaauu auaaauguac caaaauaaua augcucugua acauuuuuuu aguauuuuga 60

acggaccucu guuugacacg ucugaauaac uaaaa 95

<210> 365

<211> 109

<212> RNA

<213> Streptococcus thermophilus2

<400> 365

uguaagggac gccuuacaca guuacuuaaa ucuugcagaa gcuacaaaga uaaggcuuca 60

ugccgaaauc aacaccugu cauuuuauagg caggguuuu ucguuuuuu 109

<210> 366

<211> 110

<212> RNA

<213> M. mobile

<400> 366

uguauuucga aaucacagaug uacaguuaag aaucacuaag aaugauacau cacuaaaaaa 60

aggcuuuuug ccguaacuac uacuuaauuuu caaaauaagu aguuuuuuuu 110

<210>	367	
<211>	92	
<212>	RNA	
<213>	<i>Listeria innocua</i>	
<400>	367	
	auuguuagua uucaaaaaua cauagcaagu uaaaauaagg cuuuguccgu uaucaacuuu	60
	uaauuaagua gcgcuguuuc ggcgcuuuuu uu	92
<210>	368	
<211>	89	
<212>	RNA	
<213>	<i>Streptococcus pyogenes</i>	
<400>	368	
	guuggaacca uucaaacag cauagcaagu uaaaauaagg cuaguccguu aucaacuuga	60
	aaaaguggca ccgagucggu gcuuuuuuu	89
<210>	369	
<211>	107	
<212>	RNA	
<213>	<i>Streptococcus mutans</i>	
<400>	369	
	guuggaauca uucgaaacaa cacagcaagu uaaaauaagg cagugauuuu uauccaguc	60
	cguacacaac uugaaaaagu gcgcaccgau ucggugcuuu uuuaauu	107
<210>	370	
<211>	96	
<212>	RNA	
<213>	<i>Streptococcus thermophilus</i>	
<400>	370	
	uugugguuug aaaccuucg aaacaacaca gcgaguuaaa auaaggcuua guccguacuc	60
	aacuugaaaa gguggcaccg auucgguguu uuuuuu	96
<210>	371	
<211>	102	
<212>	RNA	
<213>	<i>Neisseria meningitidis</i>	
<400>	371	

acauauuguc gcacugcgaa augagaaccg uugcuacaau aaggccgucu gaaaagaugu 60

gccgcaacgc ucugcccccuaaagcuucug cuuuuagggg ca 102

<210> 372

<211> 110

<212> RNA

<213> P. multocida

<400> 372

gcgauuuguu gcacugcgaa augagagacg uugcuacaau aaggcuucug aaaagaauga 60

ccguaacgcu cugcccccug ugauucuuuaa uugcaagggg caucguuuuu 110

<210> 373

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 373

Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1 5

<210> 374

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 374

Met Asp Ser Leu Leu Met Asn Arg Arg Lys Phe Leu Tyr Gln Phe Lys

1 5 10 15

Asn Val Arg Trp Ala Lys Gly Arg Arg Glu Thr Tyr Leu Cys

20 25 30

<210> 375

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 375

Lys Arg Thr Ala Asp Gly Ser Glu Phe Glu Ser Pro Lys Lys Lys Arg

1 5 10 15

Lys Val

<210> 376

<211> 609

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 376

gcttatcgat aatcaacctc tggattacaa aatttgtgaa agattgactg gtattcttaa 60
ctatgttgct ccttttacgc tatgtggata cgtgcttta atgcctttgt atcatgctat 120
tgcttcccgat atggctttca ttttctctc ctgtataaa tccgtggtgc tgtctcttta 180

tgaggagtgt tggcccggtg tcaggcaacg tggcgtggtg tgcactgtgt ttgctgacgc 240
aacccccact ggttggggca ttgccaccac ctgtcagctc ctttccggga ctttcgcttt 300
ccccctcctt attgccacgg cggaactcat cgcgcctgc cttgcccgct gctggacagg 360
ggctcggtgt ttgggcactg acaattccgt ggtgttgtcg gggaaatcat cgtcctttcc 420
ttggctgctc gcctatgttg ccacctggat tctgcgcggg acgtccttct gctacgtccc 480
ttcggccctc aatccagcgg accttcttc ccgcggcctg ctgccggctc tgcggcctct 540
tccgcgtctt cgccttcgcc ctacagacgag tcggatctcc ctttgggccc cctccccgca 600

tcgataccg 609

<210> 377

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 377

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1 5 10 15

<210> 378

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 378

Ser Gly Gly Ser

1

<210> 379

<211> 60

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(60)

<223> May be absent

<400> 379

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser

1 5 10 15

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser

20 25 30

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser

35 40 45

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser

50 55 60

<210> 380

<211> 60

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(60)

<223> May be absent

<400> 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

20 25 30

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

35 40 45

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

50 55 60

<210> 381

<211> 75

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(75)

<223> May be absent

<400> 381

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
35 40 45

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

50 55 60

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
65 70 75

<210> 382

<211> 75

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(75)

<223> May be absent

<400> 382

Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu

1 5 10 15

Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala

20 25 30

Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala

35 40 45

Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala

50 55 60

Lys Glu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala Ala Lys

65 70 75

<210> 383

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 383

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1 5 10 15

Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser

20

<210> 384

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 384

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser

20 25 30

<210> 385

<211> 104

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 385

Gly Gly Ser Gly Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1	5	10	15
Thr	Glu	Glu	Gly
Thr	Ser	Glu	Ser
Ala	Thr	Pro	Glu
Ser	Gly	Pro	Gly
20	25	30	
Thr	Ser	Thr	Glu
Pro	Ser	Glu	Gly
Ser	Ala	Pro	Gly
Ser	Pro	Ala	Gly
35	40	45	
Ser	Pro	Thr	Ser
Thr	Glu	Glu	Gly
Thr	Ser	Thr	Glu
Pro	Ser	Glu	Gly
50	55	60	
Ser	Ala	Pro	Gly
Thr	Ser	Thr	Glu
Pro	Ser	Glu	Gly
Ser	Ala	Pro	Gly

65	70	75	80
Thr	Ser	Glu	Ser
Ala	Thr	Pro	Glu
Ser	Gly	Pro	Gly
Ser	Glu	Pro	Ala
85	90	95	
Thr	Ser	Gly	Gly
Ser	Gly	Gly	Ser
100			

<210> 386

<211> 145

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 386

ttggccaactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcaactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc	60
cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgag agagggagtg	120
gccaactcca tcactagggg ttctt	145

<210> 387

<211> 146

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 387
 ttggccactc cctctatgcg cactcgctcg ctcggtgggg cctggcgacc aaaggtcgcc 60
 agacggacgt gctttgcacg tccggcccca ccgagcgagc gagtgcgcat agagggagtg 120
 gccaaactcca tcactagagg tatggc 146

<210> 388

<211> 167

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 388
 ctctccccc tgctcgcttc gctcgctcg tggtcgttt gggggggtgg cagctcaaag 60
 agctgccaga cgacggccct ctggccgtcg ccccccaaa cgagccagcg agcgagcgaa 120
 cgcgacaggg gggagagtg cactctca agcaaggggg ttttga 167

<210> 389

<211> 142

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 389
 ttgccactc cctctatgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60
 agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcat agagggagtg 120
 ggcaactcca tcactagggg ta 142

<210> 390

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(15)

<223> May be absent

<400> 390

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5 10 15

<210> 391

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 391

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1	5	10	15
Ser	Glu	Ser	Ala
Thr	Pro	Glu	Ser
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser			
20	25	30	
Ser	Gly	Gly	Ser
Ser	Gly	Gly	Ser
35	40		

<210> 392

<211> 64

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 392

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1	5	10	15
Ser	Glu	Ser	Ala
Thr	Pro	Glu	Ser
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser			
20	25	30	
Ser	Gly	Gly	Ser
Ser	Gly	Gly	Ser
Ser	Glu	Thr	Pro
Gly	Thr		
35	40	45	
Ser	Glu	Ser	Ala
Thr	Pro	Glu	Ser
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser	Ser	Gly	Gly
Ser			
50	55	60	

<210> 393

<211> 92

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 393

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
 20 25 30
 Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
 35 40 45
 Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
 50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
 65 70 75 80
 Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
 85 90

<210> 394

<211> 1367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 394

Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys
 20 25 30
 Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly
 35 40 45
 Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys
 50 55 60
 Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe
 85 90 95
 Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His
 100 105 110

Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His
 115 120 125
 Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser
 130 135 140
 Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met

 145 150 155 160
 Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp
 165 170 175
 Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn
 180 185 190
 Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys
 195 200 205
 Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu

 210 215 220
 Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu
 225 230 235 240
 Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp
 245 250 255
 Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp
 260 265 270
 Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu

 275 280 285
 Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile
 290 295 300
 Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met
 305 310 315 320
 Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala
 325 330 335
 Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp

 340 345 350
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln

355 360 365
 Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly
 370 375 380
 Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly

 405 410 415
 Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu
 420 425 430
 Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro
 435 440 445
 Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met
 450 455 460
 Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val

 465 470 475 480
 Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Ala
 485 490 495
 Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu
 500 505 510
 Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr
 515 520 525
 Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys

 530 535 540
 Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val
 545 550 555 560
 Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser
 565 570 575
 Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr
 580 585 590
 Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn

 595 600 605

Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu
 610 615 620
 Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His
 625 630 635 640
 Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 645 650 655
 Gly Trp Gly Ala Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys
 660 665 670
 Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala
 675 680 685
 Asn Arg Asn Phe Met Ala Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys
 690 695 700
 Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His
 705 710 715 720
 Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile
 725 730 735
 Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg
 740 745 750
 His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr
 755 760 765
 Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu
 770 775 780
 Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val
 785 790 795 800
 Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln
 805 810 815
 Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu
 820 825 830
 Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp
 835 840 845
 Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly

850	855	860	
Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn			
865	870	875	880
Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe			
885	890	895	
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys			
900	905	910	
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Ala Ile Thr Lys			
915	920	925	
His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu			
930	935	940	
Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys			
945	950	955	960
Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu			
965	970	975	
Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val			
980	985	990	
Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val			
995	1000	1005	
Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys			
1010	1015	1020	
Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr			
1025	1030	1035	
Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn			
1040	1045	1050	
Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr			
1055	1060	1065	
Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg			
1070	1075	1080	
Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu			
1085	1090	1095	

Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg

1100 1105 1110

Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys

1115 1120 1125

Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu

1130 1135 1140

Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser

1145 1150 1155

Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe

1160 1165 1170

Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu

1175 1180 1185

Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe

1190 1195 1200

Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu

1205 1210 1215

Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn

1220 1225 1230

Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His

1250 1255 1260

Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg

1265 1270 1275

Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr

1280 1285 1290

Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile

1295 1300 1305

Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe

1310 1315 1320

Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr

1325 1330 1335
Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly

1340 1345 1350
Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp

1355 1360 1365

<210> 395

<211> 1129

<212> PRT

<213> Alicyclobacillus acidoterrestris

<400> 395

Met Ala Val Lys Ser Ile Lys Val Lys Leu Arg Leu Asp Asp Met Pro

1 5 10 15

Glu Ile Arg Ala Gly Leu Trp Lys Leu His Lys Glu Val Asn Ala Gly

20 25 30

Val Arg Tyr Tyr Thr Glu Trp Leu Ser Leu Leu Arg Gln Glu Asn Leu

35 40 45

Tyr Arg Arg Ser Pro Asn Gly Asp Gly Glu Gln Glu Cys Asp Lys Thr

50 55 60

Ala Glu Glu Cys Lys Ala Glu Leu Leu Glu Arg Leu Arg Ala Arg Gln

65 70 75 80

Val Glu Asn Gly His Arg Gly Pro Ala Gly Ser Asp Asp Glu Leu Leu

85 90 95

Gln Leu Ala Arg Gln Leu Tyr Glu Leu Leu Val Pro Gln Ala Ile Gly

100 105 110

Ala Lys Gly Asp Ala Gln Gln Ile Ala Arg Lys Phe Leu Ser Pro Leu

115 120 125

Ala Asp Lys Asp Ala Val Gly Gly Leu Gly Ile Ala Lys Ala Gly Asn

130 135 140

Lys Pro Arg Trp Val Arg Met Arg Glu Ala Gly Glu Pro Gly Trp Glu

145 150 155 160

Glu Glu Lys Glu Lys Ala Glu Thr Arg Lys Ser Ala Asp Arg Thr Ala

165	170	175
Asp Val Leu Arg Ala Leu Ala Asp Phe Gly Leu Lys Pro Leu Met Arg		
180	185	190
Val Tyr Thr Asp Ser Glu Met Ser Ser Val Glu Trp Lys Pro Leu Arg		
195	200	205
Lys Gly Gln Ala Val Arg Thr Trp Asp Arg Asp Met Phe Gln Gln Ala		
210	215	220
Ile Glu Arg Met Met Ser Trp Glu Ser Trp Asn Gln Arg Val Gly Gln		
225	230	235
Glu Tyr Ala Lys Leu Val Glu Gln Lys Asn Arg Phe Glu Gln Lys Asn		
245	250	255
Phe Val Gly Gln Glu His Leu Val His Leu Val Asn Gln Leu Gln Gln		
260	265	270
Asp Met Lys Glu Ala Ser Pro Gly Leu Glu Ser Lys Glu Gln Thr Ala		
275	280	285
His Tyr Val Thr Gly Arg Ala Leu Arg Gly Ser Asp Lys Val Phe Glu		
290	295	300
Lys Trp Gly Lys Leu Ala Pro Asp Ala Pro Phe Asp Leu Tyr Asp Ala		
305	310	315
Glu Ile Lys Asn Val Gln Arg Arg Asn Thr Arg Arg Phe Gly Ser His		
325	330	335
Asp Leu Phe Ala Lys Leu Ala Glu Pro Glu Tyr Gln Ala Leu Trp Arg		
340	345	350
Glu Asp Ala Ser Phe Leu Thr Arg Tyr Ala Val Tyr Asn Ser Ile Leu		
355	360	365
Arg Lys Leu Asn His Ala Lys Met Phe Ala Thr Phe Thr Leu Pro Asp		
370	375	380
Ala Thr Ala His Pro Ile Trp Thr Arg Phe Asp Lys Leu Gly Gly Asn		
385	390	395
Leu His Gln Tyr Thr Phe Leu Phe Asn Glu Phe Gly Glu Arg Arg His		
405	410	415

Ala Ile Arg Phe His Lys Leu Leu Lys Val Glu Asn Gly Val Ala Arg
420 425 430

Glu Val Asp Asp Val Thr Val Pro Ile Ser Met Ser Glu Gln Leu Asp
435 440 445

Asn Leu Leu Pro Arg Asp Pro Asn Glu Pro Ile Ala Leu Tyr Phe Arg
450 455 460

Asp Tyr Gly Ala Glu Gln His Phe Thr Gly Glu Phe Gly Gly Ala Lys
465 470 475 480

Ile Gln Cys Arg Arg Asp Gln Leu Ala His Met His Arg Arg Arg Gly
485 490 495

Ala Arg Asp Val Tyr Leu Asn Val Ser Val Arg Val Gln Ser Gln Ser
500 505 510

Glu Ala Arg Gly Glu Arg Arg Pro Pro Tyr Ala Ala Val Phe Arg Leu
515 520 525

Val Gly Asp Asn His Arg Ala Phe Val His Phe Asp Lys Leu Ser Asp
530 535 540

Tyr Leu Ala Glu His Pro Asp Asp Gly Lys Leu Gly Ser Glu Gly Leu
545 550 555 560

Leu Ser Gly Leu Arg Val Met Ser Val Asp Leu Gly Leu Arg Thr Ser
565 570 575

Ala Ser Ile Ser Val Phe Arg Val Ala Arg Lys Asp Glu Leu Lys Pro
580 585 590

Asn Ser Lys Gly Arg Val Pro Phe Phe Phe Pro Ile Lys Gly Asn Asp
595 600 605

Asn Leu Val Ala Val His Glu Arg Ser Gln Leu Leu Lys Leu Pro Gly
610 615 620

Glu Thr Glu Ser Lys Asp Leu Arg Ala Ile Arg Glu Glu Arg Gln Arg
625 630 635 640

Thr Leu Arg Gln Leu Arg Thr Gln Leu Ala Tyr Leu Arg Leu Leu Val
645 650 655

Arg Cys Gly Ser Glu Asp Val Gly Arg Arg Glu Arg Ser Trp Ala Lys

660	665	670
Leu Ile Glu Gln Pro Val Asp Ala Ala Asn His Met Thr Pro Asp Trp		
675	680	685
Arg Glu Ala Phe Glu Asn Glu Leu Gln Lys Leu Lys Ser Leu His Gly		
690	695	700
Ile Cys Ser Asp Lys Glu Trp Met Asp Ala Val Tyr Glu Ser Val Arg		
705	710	715
Arg Val Trp Arg His Met Gly Lys Gln Val Arg Asp Trp Arg Lys Asp		
725	730	735
Val Arg Ser Gly Glu Arg Pro Lys Ile Arg Gly Tyr Ala Lys Asp Val		
740	745	750
Val Gly Gly Asn Ser Ile Glu Gln Ile Glu Tyr Leu Glu Arg Gln Tyr		
755	760	765
Lys Phe Leu Lys Ser Trp Ser Phe Phe Gly Lys Val Ser Gly Gln Val		
770	775	780
Ile Arg Ala Glu Lys Gly Ser Arg Phe Ala Ile Thr Leu Arg Glu His		
785	790	795
Ile Asp His Ala Lys Glu Asp Arg Leu Lys Lys Leu Ala Asp Arg Ile		
805	810	815
Ile Met Glu Ala Leu Gly Tyr Val Tyr Ala Leu Asp Glu Arg Gly Lys		
820	825	830
Gly Lys Trp Val Ala Lys Tyr Pro Pro Cys Gln Leu Ile Leu Leu Glu		
835	840	845
Glu Leu Ser Glu Tyr Gln Phe Asn Asn Asp Arg Pro Pro Ser Glu Asn		
850	855	860
Asn Gln Leu Met Gln Trp Ser His Arg Gly Val Phe Gln Glu Leu Ile		
865	870	875
Asn Gln Ala Gln Val His Asp Leu Leu Val Gly Thr Met Tyr Ala Ala		
885	890	895
Phe Ser Ser Arg Phe Asp Ala Arg Thr Gly Ala Pro Gly Ile Arg Cys		
900	905	910

Arg Arg Val Pro Ala Arg Cys Thr Gln Glu His Asn Pro Glu Pro Phe

915 920 925

Pro Trp Trp Leu Asn Lys Phe Val Val Glu His Thr Leu Asp Ala Cys

930 935 940

Pro Leu Arg Ala Asp Asp Leu Ile Pro Thr Gly Glu Gly Glu Ile Phe

945 950 955 960

Val Ser Pro Phe Ser Ala Glu Glu Gly Asp Phe His Gln Ile His Ala

965 970 975

Asp Leu Asn Ala Ala Gln Asn Leu Gln Gln Arg Leu Trp Ser Asp Phe

980 985 990

Asp Ile Ser Gln Ile Arg Leu Arg Cys Asp Trp Gly Glu Val Asp Gly

995 1000 1005

Glu Leu Val Leu Ile Pro Arg Leu Thr Gly Lys Arg Thr Ala Asp

1010 1015 1020

Ser Tyr Ser Asn Lys Val Phe Tyr Thr Asn Thr Gly Val Thr Tyr

1025 1030 1035

Tyr Glu Arg Glu Arg Gly Lys Lys Arg Arg Lys Val Phe Ala Gln

1040 1045 1050

Glu Lys Leu Ser Glu Glu Glu Ala Glu Leu Leu Val Glu Ala Asp

1055 1060 1065

Glu Ala Arg Glu Lys Ser Val Val Leu Met Arg Asp Pro Ser Gly

1070 1075 1080

Ile Ile Asn Arg Gly Asn Trp Thr Arg Gln Lys Glu Phe Trp Ser

1085 1090 1095

Met Val Asn Gln Arg Ile Glu Gly Tyr Leu Val Lys Gln Ile Arg

1100 1105 1110

Ser Arg Val Pro Leu Gln Asp Ser Ala Cys Glu Asn Thr Gly Asp

1115 1120 1125

Ile

<210> 396

<211> 1389

<212> PRT

<213> Leptotrichia shahii

<400> 396

Met Gly Asn Leu Phe Gly His Lys Arg Trp Tyr Glu Val Arg Asp Lys

1 5 10 15

Lys Asp Phe Lys Ile Lys Arg Lys Val Lys Val Lys Arg Asn Tyr Asp

20 25 30

Gly Asn Lys Tyr Ile Leu Asn Ile Asn Glu Asn Asn Asn Lys Glu Lys

35 40 45

Ile Asp Asn Asn Lys Phe Ile Arg Lys Tyr Ile Asn Tyr Lys Lys Asn

50 55 60

Asp Asn Ile Leu Lys Glu Phe Thr Arg Lys Phe His Ala Gly Asn Ile

65 70 75 80

Leu Phe Lys Leu Lys Gly Lys Glu Gly Ile Ile Arg Ile Glu Asn Asn

85 90 95

Asp Asp Phe Leu Glu Thr Glu Glu Val Val Leu Tyr Ile Glu Ala Tyr

100 105 110

Gly Lys Ser Glu Lys Leu Lys Ala Leu Gly Ile Thr Lys Lys Lys Ile

115 120 125

Ile Asp Glu Ala Ile Arg Gln Gly Ile Thr Lys Asp Asp Lys Lys Ile

130 135 140

Glu Ile Lys Arg Gln Glu Asn Glu Glu Glu Ile Glu Ile Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asp Glu Tyr Thr Asn Lys Thr Leu Asn Asp Cys Ser Ile Ile Leu Arg

165 170 175

Ile Ile Glu Asn Asp Glu Leu Glu Thr Lys Lys Ser Ile Tyr Glu Ile

180 185 190

Phe Lys Asn Ile Asn Met Ser Leu Tyr Lys Ile Ile Glu Lys Ile Ile

195 200 205

Glu Asn Glu Thr Glu Lys Val Phe Glu Asn Arg Tyr Tyr Glu Glu His

210 215 220

Leu Arg Glu Lys Leu Leu Lys Asp Asp Lys Ile Asp Val Ile Leu Thr

225 230 235 240

Asn Phe Met Glu Ile Arg Glu Lys Ile Lys Ser Asn Leu Glu Ile Leu

245 250 255

Gly Phe Val Lys Phe Tyr Leu Asn Val Gly Gly Asp Lys Lys Lys Ser

260 265 270

Lys Asn Lys Lys Met Leu Val Glu Lys Ile Leu Asn Ile Asn Val Asp

275 280 285

Leu Thr Val Glu Asp Ile Ala Asp Phe Val Ile Lys Glu Leu Glu Phe

290 295 300

Trp Asn Ile Thr Lys Arg Ile Glu Lys Val Lys Lys Val Asn Asn Glu

305 310 315 320

Phe Leu Glu Lys Arg Arg Asn Arg Thr Tyr Ile Lys Ser Tyr Val Leu

325 330 335

Leu Asp Lys His Glu Lys Phe Lys Ile Glu Arg Glu Asn Lys Lys Asp

340 345 350

Lys Ile Val Lys Phe Phe Val Glu Asn Ile Lys Asn Asn Ser Ile Lys

355 360 365

Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Ala Glu Phe Lys Ile Asp Glu Leu Ile

370 375 380

Lys Lys Leu Glu Lys Glu Leu Lys Lys Gly Asn Cys Asp Thr Glu Ile

385 390 395 400

Phe Gly Ile Phe Lys Lys His Tyr Lys Val Asn Phe Asp Ser Lys Lys

405 410 415

Phe Ser Lys Lys Ser Asp Glu Glu Lys Glu Leu Tyr Lys Ile Ile Tyr

420 425 430

Arg Tyr Leu Lys Gly Arg Ile Glu Lys Ile Leu Val Asn Glu Gln Lys

435 440 445

Val Arg Leu Lys Lys Met Glu Lys Ile Glu Ile Glu Lys Ile Leu Asn

450 455 460

Glu Ser Ile Leu Ser Glu Lys Ile Leu Lys Arg Val Lys Gln Tyr Thr

465 470 475 480
 Leu Glu His Ile Met Tyr Leu Gly Lys Leu Arg His Asn Asp Ile Asp

 485 490 495
 Met Thr Thr Val Asn Thr Asp Asp Phe Ser Arg Leu His Ala Lys Glu
 500 505 510
 Glu Leu Asp Leu Glu Leu Ile Thr Phe Phe Ala Ser Thr Asn Met Glu
 515 520 525
 Leu Asn Lys Ile Phe Ser Arg Glu Asn Ile Asn Asn Asp Glu Asn Ile
 530 535 540
 Asp Phe Phe Gly Gly Asp Arg Glu Lys Asn Tyr Val Leu Asp Lys Lys

 545 550 555 560
 Ile Leu Asn Ser Lys Ile Lys Ile Ile Arg Asp Leu Asp Phe Ile Asp
 565 570 575
 Asn Lys Asn Asn Ile Thr Asn Asn Phe Ile Arg Lys Phe Thr Lys Ile
 580 585 590
 Gly Thr Asn Glu Arg Asn Arg Ile Leu His Ala Ile Ser Lys Glu Arg
 595 600 605
 Asp Leu Gln Gly Thr Gln Asp Asp Tyr Asn Lys Val Ile Asn Ile Ile

 610 615 620
 Gln Asn Leu Lys Ile Ser Asp Glu Glu Val Ser Lys Ala Leu Asn Leu
 625 630 635 640
 Asp Val Val Phe Lys Asp Lys Lys Asn Ile Ile Thr Lys Ile Asn Asp
 645 650 655
 Ile Lys Ile Ser Glu Glu Asn Asn Asn Asp Ile Lys Tyr Leu Pro Ser
 660 665 670
 Phe Ser Lys Val Leu Pro Glu Ile Leu Asn Leu Tyr Arg Asn Asn Pro

 675 680 685
 Lys Asn Glu Pro Phe Asp Thr Ile Glu Thr Glu Lys Ile Val Leu Asn
 690 695 700
 Ala Leu Ile Tyr Val Asn Lys Glu Leu Tyr Lys Lys Leu Ile Leu Glu
 705 710 715 720

Asp Asp Leu Glu Glu Asn Glu Ser Lys Asn Ile Phe Leu Gln Glu Leu
 725 730 735
 Lys Lys Thr Leu Gly Asn Ile Asp Glu Ile Asp Glu Asn Ile Ile Glu
 740 745 750
 Asn Tyr Tyr Lys Asn Ala Gln Ile Ser Ala Ser Lys Gly Asn Asn Lys
 755 760 765
 Ala Ile Lys Lys Tyr Gln Lys Lys Val Ile Glu Cys Tyr Ile Gly Tyr
 770 775 780
 Leu Arg Lys Asn Tyr Glu Glu Leu Phe Asp Phe Ser Asp Phe Lys Met
 785 790 795 800
 Asn Ile Gln Glu Ile Lys Lys Gln Ile Lys Asp Ile Asn Asp Asn Lys
 805 810 815
 Thr Tyr Glu Arg Ile Thr Val Lys Thr Ser Asp Lys Thr Ile Val Ile
 820 825 830
 Asn Asp Asp Phe Glu Tyr Ile Ile Ser Ile Phe Ala Leu Leu Asn Ser
 835 840 845
 Asn Ala Val Ile Asn Lys Ile Arg Asn Arg Phe Phe Ala Thr Ser Val
 850 855 860
 Trp Leu Asn Thr Ser Glu Tyr Gln Asn Ile Ile Asp Ile Leu Asp Glu
 865 870 875 880
 Ile Met Gln Leu Asn Thr Leu Arg Asn Glu Cys Ile Thr Glu Asn Trp
 885 890 895
 Asn Leu Asn Leu Glu Glu Phe Ile Gln Lys Met Lys Glu Ile Glu Lys
 900 905 910
 Asp Phe Asp Asp Phe Lys Ile Gln Thr Lys Lys Glu Ile Phe Asn Asn
 915 920 925
 Tyr Tyr Glu Asp Ile Lys Asn Asn Ile Leu Thr Glu Phe Lys Asp Asp
 930 935 940
 Ile Asn Gly Cys Asp Val Leu Glu Lys Lys Leu Glu Lys Ile Val Ile
 945 950 955 960
 Phe Asp Asp Glu Thr Lys Phe Glu Ile Asp Lys Lys Ser Asn Ile Leu

965	970	975
Gln Asp Glu Gln Arg Lys Leu Ser Asn Ile Asn Lys Lys Asp Leu Lys		
980	985	990
Lys Lys Val Asp Gln Tyr Ile Lys Asp Lys Asp Gln Glu Ile Lys Ser		
995	1000	1005
Lys Ile Leu Cys Arg Ile Ile Phe Asn Ser Asp Phe Leu Lys Lys		
1010	1015	1020
Tyr Lys Lys Glu Ile Asp Asn Leu Ile Glu Asp Met Glu Ser Glu		
1025	1030	1035
Asn Glu Asn Lys Phe Gln Glu Ile Tyr Tyr Pro Lys Glu Arg Lys		
1040	1045	1050
Asn Glu Leu Tyr Ile Tyr Lys Lys Asn Leu Phe Leu Asn Ile Gly		
1055	1060	1065
Asn Pro Asn Phe Asp Lys Ile Tyr Gly Leu Ile Ser Asn Asp Ile		
1070	1075	1080
Lys Met Ala Asp Ala Lys Phe Leu Phe Asn Ile Asp Gly Lys Asn		
1085	1090	1095
Ile Arg Lys Asn Lys Ile Ser Glu Ile Asp Ala Ile Leu Lys Asn		
1100	1105	1110
Leu Asn Asp Lys Leu Asn Gly Tyr Ser Lys Glu Tyr Lys Glu Lys		
1115	1120	1125
Tyr Ile Lys Lys Leu Lys Glu Asn Asp Asp Phe Phe Ala Lys Asn		
1130	1135	1140
Ile Gln Asn Lys Asn Tyr Lys Ser Phe Glu Lys Asp Tyr Asn Arg		
1145	1150	1155
Val Ser Glu Tyr Lys Lys Ile Arg Asp Leu Val Glu Phe Asn Tyr		
1160	1165	1170
Leu Asn Lys Ile Glu Ser Tyr Leu Ile Asp Ile Asn Trp Lys Leu		
1175	1180	1185
Ala Ile Gln Met Ala Arg Phe Glu Arg Asp Met His Tyr Ile Val		
1190	1195	1200

Asn Gly Leu Arg Glu Leu Gly Ile Ile Lys Leu Ser Gly Tyr Asn
1205 1210 1215

Thr Gly Ile Ser Arg Ala Tyr Pro Lys Arg Asn Gly Ser Asp Gly
1220 1225 1230

Phe Tyr Thr Thr Thr Ala Tyr Tyr Lys Phe Phe Asp Glu Glu Ser
1235 1240 1245

Tyr Lys Lys Phe Glu Lys Ile Cys Tyr Gly Phe Gly Ile Asp Leu
1250 1255 1260

Ser Glu Asn Ser Glu Ile Asn Lys Pro Glu Asn Glu Ser Ile Arg
1265 1270 1275

Asn Tyr Ile Ser His Phe Tyr Ile Val Arg Asn Pro Phe Ala Asp
1280 1285 1290

Tyr Ser Ile Ala Glu Gln Ile Asp Arg Val Ser Asn Leu Leu Ser
1295 1300 1305

Tyr Ser Thr Arg Tyr Asn Asn Ser Thr Tyr Ala Ser Val Phe Glu
1310 1315 1320

Val Phe Lys Lys Asp Val Asn Leu Asp Tyr Asp Glu Leu Lys Lys
1325 1330 1335

Lys Phe Lys Leu Ile Gly Asn Asn Asp Ile Leu Glu Arg Leu Met
1340 1345 1350

Lys Pro Lys Lys Val Ser Val Leu Glu Leu Glu Ser Tyr Asn Ser
1355 1360 1365

Asp Tyr Ile Lys Asn Leu Ile Ile Glu Leu Leu Thr Lys Ile Glu
1370 1375 1380

Asn Thr Asn Asp Thr Leu
1385

<210> 397

<211> 1050

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 397

Met Arg Ser Asn Tyr His Gly Gly Arg Asn Ala Arg Gln Trp Arg Lys
1 5 10 15
Gln Ile Ser Gly Leu Ala Arg Arg Thr Lys Glu Thr Val Phe Thr Tyr
20 25 30
Lys Phe Pro Leu Glu Thr Asp Ala Ala Glu Ile Asp Phe Asp Lys Ala
35 40 45
Val Gln Thr Tyr Gly Ile Ala Glu Gly Val Gly His Gly Ser Leu Ile
50 55 60
Gly Leu Val Cys Ala Phe His Leu Ser Gly Phe Arg Leu Phe Ser Lys
65 70 75 80
Ala Gly Glu Ala Met Ala Phe Arg Asn Arg Ser Arg Tyr Pro Thr Asp
85 90 95
Ala Phe Ala Glu Lys Leu Ser Ala Ile Met Gly Ile Gln Leu Pro Thr
100 105 110
Leu Ser Pro Glu Gly Leu Asp Leu Ile Phe Gln Ser Pro Pro Arg Ser
115 120 125
Arg Asp Gly Ile Ala Pro Val Trp Ser Glu Asn Glu Val Arg Asn Arg
130 135 140
Leu Tyr Thr Asn Trp Thr Gly Arg Gly Pro Ala Asn Lys Pro Asp Glu
145 150 155 160
His Leu Leu Glu Ile Ala Gly Glu Ile Ala Lys Gln Val Phe Pro Lys
165 170 175
Phe Gly Gly Trp Asp Asp Leu Ala Ser Asp Pro Asp Lys Ala Leu Ala
180 185 190
Ala Ala Asp Lys Tyr Phe Gln Ser Gln Gly Asp Phe Pro Ser Ile Ala
195 200 205
Ser Leu Pro Ala Ala Ile Met Leu Ser Pro Ala Asn Ser Thr Val Asp
210 215 220
Phe Glu Gly Asp Tyr Ile Ala Ile Asp Pro Ala Ala Glu Thr Leu Leu
225 230 235 240
His Gln Ala Val Ser Arg Cys Ala Ala Arg Leu Gly Arg Glu Arg Pro

245 250 255
 Asp Leu Asp Gln Asn Lys Gly Pro Phe Val Ser Ser Leu Gln Asp Ala
 260 265 270
 Leu Val Ser Ser Gln Asn Asn Gly Leu Ser Trp Leu Phe Gly Val Gly

 275 280 285
 Phe Gln His Trp Lys Glu Lys Ser Pro Lys Glu Leu Ile Asp Glu Tyr
 290 295 300
 Lys Val Pro Ala Asp Gln His Gly Ala Val Thr Gln Val Lys Ser Phe
 305 310 315 320
 Val Asp Ala Ile Pro Leu Asn Pro Leu Phe Asp Thr Thr His Tyr Gly
 325 330 335
 Glu Phe Arg Ala Ser Val Ala Gly Lys Val Arg Ser Trp Val Ala Asn

 340 345 350
 Tyr Trp Lys Arg Leu Leu Asp Leu Lys Ser Leu Leu Ala Thr Thr Glu
 355 360 365
 Phe Thr Leu Pro Glu Ser Ile Ser Asp Pro Lys Ala Val Ser Leu Phe
 370 375 380
 Ser Gly Leu Leu Val Asp Pro Gln Gly Leu Lys Lys Val Ala Asp Ser
 385 390 395 400
 Leu Pro Ala Arg Leu Val Ser Ala Glu Glu Ala Ile Asp Arg Leu Met

 405 410 415
 Gly Val Gly Ile Pro Thr Ala Ala Asp Ile Ala Gln Val Glu Arg Val
 420 425 430
 Ala Asp Glu Ile Gly Ala Phe Ile Gly Gln Val Gln Gln Phe Asn Asn
 435 440 445
 Gln Val Lys Gln Lys Leu Glu Asn Leu Gln Asp Ala Asp Asp Glu Glu
 450 455 460
 Phe Leu Lys Gly Leu Lys Ile Glu Leu Pro Ser Gly Asp Lys Glu Pro

 465 470 475 480
 Pro Ala Ile Asn Arg Ile Ser Gly Gly Ala Pro Asp Ala Ala Ala Glu
 485 490 495

Ile Ser Glu Leu Glu Glu Lys Leu Gln Arg Leu Leu Asp Ala Arg Ser
500 505 510

Glu His Phe Gln Thr Ile Ser Glu Trp Ala Glu Glu Asn Ala Val Thr
515 520 525

Leu Asp Pro Ile Ala Ala Met Val Glu Leu Glu Arg Leu Arg Leu Ala
530 535 540

Glu Arg Gly Ala Thr Gly Asp Pro Glu Glu Tyr Ala Leu Arg Leu Leu
545 550 555 560

Leu Gln Arg Ile Gly Arg Leu Ala Asn Arg Val Ser Pro Val Ser Ala
565 570 575

Gly Ser Ile Arg Glu Leu Leu Lys Pro Val Phe Met Glu Glu Arg Glu
580 585 590

Phe Asn Leu Phe Phe His Asn Arg Leu Gly Ser Leu Tyr Arg Ser Pro
595 600 605

Tyr Ser Thr Ser Arg His Gln Pro Phe Ser Ile Asp Val Gly Lys Ala
610 615 620

Lys Ala Ile Asp Trp Ile Ala Gly Leu Asp Gln Ile Ser Ser Asp Ile
625 630 635 640

Glu Lys Ala Leu Ser Gly Ala Gly Glu Ala Leu Gly Asp Gln Leu Arg
645 650 655

Asp Trp Ile Asn Leu Ala Gly Phe Ala Ile Ser Gln Arg Leu Arg Gly
660 665 670

Leu Pro Asp Thr Val Pro Asn Ala Leu Ala Gln Val Arg Cys Pro Asp
675 680 685

Asp Val Arg Ile Pro Pro Leu Leu Ala Met Leu Leu Glu Glu Asp Asp
690 695 700

Ile Ala Arg Asp Val Cys Leu Lys Ala Phe Asn Leu Tyr Val Ser Ala
705 710 715 720

Ile Asn Gly Cys Leu Phe Gly Ala Leu Arg Glu Gly Phe Ile Val Arg
725 730 735

Thr Arg Phe Gln Arg Ile Gly Thr Asp Gln Ile His Tyr Val Pro Lys

740	745	750	
Asp Lys Ala Trp Glu Tyr Pro Asp Arg Leu Asn Thr Ala Lys Gly Pro			
755	760	765	
Ile Asn Ala Ala Val Ser Ser Asp Trp Ile Glu Lys Asp Gly Ala Val			
770	775	780	
Ile Lys Pro Val Glu Thr Val Arg Asn Leu Ser Ser Thr Gly Phe Ala			
785	790	795	800
Gly Ala Gly Val Ser Glu Tyr Leu Val Gln Ala Pro His Asp Trp Tyr			
805	810	815	
Thr Pro Leu Asp Leu Arg Asp Val Ala His Leu Val Thr Gly Leu Pro			
820	825	830	
Val Glu Lys Asn Ile Thr Lys Leu Lys Arg Leu Thr Asn Arg Thr Ala			
835	840	845	
Phe Arg Met Val Gly Ala Ser Ser Phe Lys Thr His Leu Asp Ser Val			
850	855	860	
Leu Leu Ser Asp Lys Ile Lys Leu Gly Asp Phe Thr Ile Ile Ile Asp			
865	870	875	880
Gln His Tyr Arg Gln Ser Val Thr Tyr Gly Gly Lys Val Lys Ile Ser			
885	890	895	
Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Gln Val Glu Ala Ala Val Pro Val Val Asp			
900	905	910	
Thr Arg Asp Arg Thr Val Pro Glu Pro Asp Thr Leu Phe Asp His Ile			
915	920	925	
Val Ala Ile Asp Leu Gly Glu Arg Ser Val Gly Phe Ala Val Phe Asp			
930	935	940	
Ile Lys Ser Cys Leu Arg Thr Gly Glu Val Lys Pro Ile His Asp Asn			
945	950	955	960
Asn Gly Asn Pro Val Val Gly Thr Val Ala Val Pro Ser Ile Arg Arg			
965	970	975	
Leu Met Lys Ala Val Arg Ser His Arg Arg Arg Arg Gln Pro Asn Gln			
980	985	990	

Lys Val Asn Gln Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Gln Asn Tyr Arg Glu Asn

995 1000 1005

Val Ile Gly Asp Val Cys Asn Arg Ile Asp Thr Leu Met Glu Arg

1010 1015 1020

Tyr Asn Ala Phe Pro Val Leu Glu Phe Gln Ile Lys Asn Phe Gln

1025 1030 1035

Ala Gly Ala Lys Gln Leu Glu Ile Val Tyr Gly Ser

1040 1045 1050

<210> 398

<400> 398

000

<210> 399

<211> 1395

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 399

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg

115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140
 Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
 145 150 155 160
 Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg

 165 170 175
 Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys
 180 185 190
 Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
 195 200 205
 Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
 210 215 220
 Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

 225 230 235 240
 Ala Thr Pro Glu Ser Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Asp Ile Gly
 245 250 255
 Ile Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val
 260 265 270
 Ile Asp Ala Gly Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn
 275 280 285
 Glu Gly Arg Arg Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg

 290 295 300
 Arg His Arg Ile Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu
 305 310 315 320
 Leu Thr Asp His Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg
 325 330 335
 Val Lys Gly Leu Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala
 340 345 350
 Leu Leu His Leu Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val

 355 360 365

Glu Glu Asp Thr Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg
 370 375 380
 Asn Ser Lys Ala Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu
 385 390 395 400
 Arg Leu Lys Lys Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys
 405 410 415
 Thr Ser Asp Tyr Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys
 420 425 430
 Ala Tyr His Gln Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu
 435 440 445
 Leu Glu Thr Arg Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro
 450 455 460
 Phe Gly Trp Lys Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His
 465 470 475 480
 Cys Thr Tyr Phe Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn
 485 490 495
 Ala Asp Leu Tyr Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr
 500 505 510
 Arg Asp Glu Asn Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile
 515 520 525
 Glu Asn Val Phe Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala
 530 535 540
 Lys Glu Ile Leu Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr
 545 550 555 560
 Ser Thr Gly Lys Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile
 565 570 575
 Lys Asp Ile Thr Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu
 580 585 590
 Asp Gln Ile Ala Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile
 595 600 605
 Gln Glu Glu Leu Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile

610 615 620
 Glu Gln Ile Ser Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser
 625 630 635 640
 Leu Lys Ala Ile Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp
 645 650 655
 Asn Gln Ile Ala Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val
 660 665 670
 Asp Leu Ser Gln Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe

 675 680 685
 Ile Leu Ser Pro Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val
 690 695 700
 Ile Asn Ala Ile Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile
 705 710 715 720
 Glu Leu Ala Arg Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn
 725 730 735
 Glu Met Gln Lys Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile

 740 745 750
 Ile Arg Thr Thr Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile
 755 760 765
 Lys Leu His Asp Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala
 770 775 780
 Ile Pro Leu Glu Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp
 785 790 795 800
 His Ile Ile Pro Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys

 805 810 815
 Val Leu Val Lys Gln Glu Glu Ala Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro
 820 825 830
 Phe Gln Tyr Leu Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe
 835 840 845
 Lys Lys His Ile Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys
 850 855 860

Thr Lys Lys Glu Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser

865 870 875 880

Val Gln Lys Asp Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala

885 890 895

Thr Arg Gly Leu Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn

900 905 910

Leu Asp Val Lys Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu

915 920 925

Arg Arg Lys Trp Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His

930 935 940

His Ala Glu Asp Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys

945 950 955 960

Glu Trp Lys Lys Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met

965 970 975

Phe Glu Glu Lys Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln

980 985 990

Glu Tyr Lys Glu Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys

995 1000 1005

Asp Phe Lys Asp Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro

1010 1015 1020

Asn Arg Glu Leu Ile Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp

1025 1030 1035

Asp Lys Gly Asn Thr Leu Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr

1040 1045 1050

Asp Lys Asp Asn Asp Lys Leu Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro

1055 1060 1065

Glu Lys Leu Leu Met Tyr His His Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys

1070 1075 1080

Leu Lys Leu Ile Met Glu Gln Tyr Gly Asp Glu Lys Asn Pro Leu

1085 1090 1095

Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr Gly Asn Tyr Leu Thr Lys Tyr Ser

1100 1105 1110
Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile Lys Lys Ile Lys Tyr Tyr Gly

1115 1120 1125
Asn Lys Leu Asn Ala His Leu Asp Ile Thr Asp Asp Tyr Pro Asn

1130 1135 1140
Ser Arg Asn Lys Val Val Lys Leu Ser Leu Lys Pro Tyr Arg Phe

1145 1150 1155
Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly Val Tyr Lys Phe Val Thr Val Lys

1160 1165 1170
Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys Glu Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Ser

1175 1180 1185
Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Leu Lys Lys Ile Ser Asn Gln

1190 1195 1200
Ala Glu Phe Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Asn Asp Leu Ile Lys Ile

1205 1210 1215
Asn Gly Glu Leu Tyr Arg Val Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu

1220 1225 1230
Asn Arg Ile Glu Val Asn Met Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr

1235 1240 1245
Leu Glu Asn Met Asn Asp Lys Arg Pro Pro Arg Ile Ile Lys Thr

1250 1255 1260
Ile Ala Ser Lys Thr Gln Ser Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile

1265 1270 1275
Leu Gly Asn Leu Tyr Glu Val Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile

1280 1285 1290
Ile Lys Lys Gly Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile

1295 1300 1305
Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu

1310 1315 1320
Met Leu Pro Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu

1325 1330 1335

Ser Asp Ile Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu
1340 1345 1350

Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp

1355 1360 1365

Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met

1370 1375 1380

Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1385 1390 1395

<210> 400

<211> 1395

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 400

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg

115 120 125

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met

130	135	140	
Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser			
145	150	155	160
Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg			
	165	170	175
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys			
	180	185	190
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile			
195	200	205	
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp			
210	215	220	
Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
225	230	235	240
Ala Thr Pro Glu Ser Lys Arg Asn Tyr Ile Leu Gly Leu Asp Ile Gly			
	245	250	255
Ile Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Tyr Glu Thr Arg Asp Val			
260	265	270	
Ile Asp Ala Gly Val Arg Leu Phe Lys Glu Ala Asn Val Glu Asn Asn			
275	280	285	
Glu Gly Arg Arg Ser Lys Arg Gly Ala Arg Arg Leu Lys Arg Arg Arg			
290	295	300	
Arg His Arg Ile Gln Arg Val Lys Lys Leu Leu Phe Asp Tyr Asn Leu			
305	310	315	320
Leu Thr Asp His Ser Glu Leu Ser Gly Ile Asn Pro Tyr Glu Ala Arg			
	325	330	335
Val Lys Gly Leu Ser Gln Lys Leu Ser Glu Glu Glu Phe Ser Ala Ala			
340	345	350	
Leu Leu His Leu Ala Lys Arg Arg Gly Val His Asn Val Asn Glu Val			
355	360	365	
Glu Glu Asp Thr Gly Asn Glu Leu Ser Thr Lys Glu Gln Ile Ser Arg			
370	375	380	

Asn Ser Lys Ala Leu Glu Glu Lys Tyr Val Ala Glu Leu Gln Leu Glu
385 390 395 400

Arg Leu Lys Lys Asp Gly Glu Val Arg Gly Ser Ile Asn Arg Phe Lys
405 410 415

Thr Ser Asp Tyr Val Lys Glu Ala Lys Gln Leu Leu Lys Val Gln Lys
420 425 430

Ala Tyr His Gln Leu Asp Gln Ser Phe Ile Asp Thr Tyr Ile Asp Leu
435 440 445

Leu Glu Thr Arg Arg Thr Tyr Tyr Glu Gly Pro Gly Glu Gly Ser Pro
450 455 460

Phe Gly Trp Lys Asp Ile Lys Glu Trp Tyr Glu Met Leu Met Gly His
465 470 475 480

Cys Thr Tyr Phe Pro Glu Glu Leu Arg Ser Val Lys Tyr Ala Tyr Asn
485 490 495

Ala Asp Leu Tyr Asn Ala Leu Asn Asp Leu Asn Asn Leu Val Ile Thr
500 505 510

Arg Asp Glu Asn Glu Lys Leu Glu Tyr Tyr Glu Lys Phe Gln Ile Ile
515 520 525

Glu Asn Val Phe Lys Gln Lys Lys Lys Pro Thr Leu Lys Gln Ile Ala
530 535 540

Lys Glu Ile Leu Val Asn Glu Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Arg Val Thr
545 550 555 560

Ser Thr Gly Lys Pro Glu Phe Thr Asn Leu Lys Val Tyr His Asp Ile
565 570 575

Lys Asp Ile Thr Ala Arg Lys Glu Ile Ile Glu Asn Ala Glu Leu Leu
580 585 590

Asp Gln Ile Ala Lys Ile Leu Thr Ile Tyr Gln Ser Ser Glu Asp Ile
595 600 605

Gln Glu Glu Leu Thr Asn Leu Asn Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Ile
610 615 620

Glu Gln Ile Ser Asn Leu Lys Gly Tyr Thr Gly Thr His Asn Leu Ser

625 630 635 640
 Leu Lys Ala Ile Asn Leu Ile Leu Asp Glu Leu Trp His Thr Asn Asp
 645 650 655

 Asn Gln Ile Ala Ile Phe Asn Arg Leu Lys Leu Val Pro Lys Lys Val
 660 665 670
 Asp Leu Ser Gln Gln Lys Glu Ile Pro Thr Thr Leu Val Asp Asp Phe
 675 680 685
 Ile Leu Ser Pro Val Val Lys Arg Ser Phe Ile Gln Ser Ile Lys Val
 690 695 700
 Ile Asn Ala Ile Ile Lys Lys Tyr Gly Leu Pro Asn Asp Ile Ile Ile
 705 710 715 720

 Glu Leu Ala Arg Glu Lys Asn Ser Lys Asp Ala Gln Lys Met Ile Asn
 725 730 735
 Glu Met Gln Lys Arg Asn Arg Gln Thr Asn Glu Arg Ile Glu Glu Ile
 740 745 750
 Ile Arg Thr Thr Gly Lys Glu Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Glu Lys Ile
 755 760 765
 Lys Leu His Asp Met Gln Glu Gly Lys Cys Leu Tyr Ser Leu Glu Ala
 770 775 780

 Ile Pro Leu Glu Asp Leu Leu Asn Asn Pro Phe Asn Tyr Glu Val Asp
 785 790 795 800
 His Ile Ile Pro Arg Ser Val Ser Phe Asp Asn Ser Phe Asn Asn Lys
 805 810 815
 Val Leu Val Lys Gln Glu Glu Ala Ser Lys Lys Gly Asn Arg Thr Pro
 820 825 830
 Phe Gln Tyr Leu Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ile Ser Tyr Glu Thr Phe
 835 840 845

 Lys Lys His Ile Leu Asn Leu Ala Lys Gly Lys Gly Arg Ile Ser Lys
 850 855 860
 Thr Lys Lys Glu Tyr Leu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Asn Arg Phe Ser
 865 870 875 880

Val Gln Lys Asp Phe Ile Asn Arg Asn Leu Val Asp Thr Arg Tyr Ala

885 890 895

Thr Arg Gly Leu Met Asn Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Arg Val Asn Asn

900 905 910

Leu Asp Val Lys Val Lys Ser Ile Asn Gly Gly Phe Thr Ser Phe Leu

915 920 925

Arg Arg Lys Trp Lys Phe Lys Lys Glu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys His

930 935 940

His Ala Glu Asp Ala Leu Ile Ile Ala Asn Ala Asp Phe Ile Phe Lys

945 950 955 960

Glu Trp Lys Lys Leu Asp Lys Ala Lys Lys Val Met Glu Asn Gln Met

965 970 975

Phe Glu Glu Lys Gln Ala Glu Ser Met Pro Glu Ile Glu Thr Glu Gln

980 985 990

Glu Tyr Lys Glu Ile Phe Ile Thr Pro His Gln Ile Lys His Ile Lys

995 1000 1005

Asp Phe Lys Asp Tyr Lys Tyr Ser His Arg Val Asp Lys Lys Pro

1010 1015 1020

Asn Arg Lys Leu Ile Asn Asp Thr Leu Tyr Ser Thr Arg Lys Asp

1025 1030 1035

Asp Lys Gly Asn Thr Leu Ile Val Asn Asn Leu Asn Gly Leu Tyr

1040 1045 1050

Asp Lys Asp Asn Asp Lys Leu Lys Lys Leu Ile Asn Lys Ser Pro

1055 1060 1065

Glu Lys Leu Leu Met Tyr His His Asp Pro Gln Thr Tyr Gln Lys

1070 1075 1080

Leu Lys Leu Ile Met Glu Gln Tyr Gly Asp Glu Lys Asn Pro Leu

1085 1090 1095

Tyr Lys Tyr Tyr Glu Glu Thr Gly Asn Tyr Leu Thr Lys Tyr Ser

1100 1105 1110

Lys Lys Asp Asn Gly Pro Val Ile Lys Lys Ile Lys Tyr Tyr Gly

1115	1120	1125
Asn Lys Leu Asn Ala His Leu	Asp Ile Thr Asp Asp Tyr Pro Asn	
1130	1135	1140
Ser Arg Asn Lys Val Val Lys	Leu Ser Leu Lys Pro Tyr Arg Phe	
1145	1150	1155
Asp Val Tyr Leu Asp Asn Gly	Val Tyr Lys Phe Val Thr Val Lys	
1160	1165	1170
Asn Leu Asp Val Ile Lys Lys	Glu Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Ser	
1175	1180	1185
Lys Cys Tyr Glu Glu Ala Lys	Lys Leu Lys Lys Ile Ser Asn Gln	
1190	1195	1200
Ala Glu Phe Ile Ala Ser Phe	Tyr Lys Asn Asp Leu Ile Lys Ile	
1205	1210	1215
Asn Gly Glu Leu Tyr Arg Val	Ile Gly Val Asn Asn Asp Leu Leu	
1220	1225	1230
Asn Arg Ile Glu Val Asn Met	Ile Asp Ile Thr Tyr Arg Glu Tyr	
1235	1240	1245
Leu Glu Asn Met Asn Asp Lys	Arg Pro Pro His Ile Ile Lys Thr	
1250	1255	1260
Ile Ala Ser Lys Thr Gln Ser	Ile Lys Lys Tyr Ser Thr Asp Ile	
1265	1270	1275
Leu Gly Asn Leu Tyr Glu Val	Lys Ser Lys Lys His Pro Gln Ile	
1280	1285	1290
Ile Lys Lys Gly Ser Gly Gly	Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile	
1295	1300	1305
Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln	Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu	
1310	1315	1320
Met Leu Pro Glu Glu Val Glu	Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu	
1325	1330	1335
Ser Asp Ile Leu Val His Thr	Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu	
1340	1345	1350

Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp
 1355 1360 1365
 Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met
 1370 1375 1380
 Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1385 1390 1395
 <210> 401

<211> 1810

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 401

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
 1 5 10 15
 Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
 20 25 30
 Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
 35 40 45
 Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
 50 55 60
 Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
 65 70 75 80
 Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
 85 90 95
 Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu
 100 105 110
 Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg
 115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140
 Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
 145 150 155 160

Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg
165 170 175
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys
180 185 190
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
195 200 205
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
210 215 220
Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
225 230 235 240
Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
245 250 255
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
260 265 270
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
275 280 285
Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
290 295 300
Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
305 310 315 320
Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
325 330 335
Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
340 345 350
Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
355 360 365
Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
370 375 380
Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
385 390 395 400
Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly

405 410 415
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 420 425 430
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser

 435 440 445
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 450 455 460
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 465 470 475 480
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 485 490 495
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys

 500 505 510
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 515 520 525
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 530 535 540
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 545 550 555 560
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu

 565 570 575
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 580 585 590
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 595 600 605
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 610 615 620
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu

 625 630 635 640
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655

Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
660 665 670

Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
675 680 685

Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
690 695 700

Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
705 710 715 720

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
725 730 735

Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
740 745 750

Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
755 760 765

Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
770 775 780

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
785 790 795 800

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
805 810 815

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
820 825 830

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
835 840 845

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
850 855 860

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
865 870 875 880

Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys
885 890 895

Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn

900	905	910	
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys			
915	920	925	
Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp			
930	935	940	
Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln			
945	950	955	960
Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala			
965	970	975	
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val			
980	985	990	
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala			
995	1000	1005	
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu			
1010	1015	1020	
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln			
1025	1030	1035	
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu			
1040	1045	1050	
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val			
1055	1060	1065	
Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp			
1070	1075	1080	
His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn			
1085	1090	1095	
Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn			
1100	1105	1110	
Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg			
1115	1120	1125	
Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn			
1130	1135	1140	

Leu Thr	Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155	
Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1160	1165	1170	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1295	1300	1305	
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320	
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1325	1330	1335	
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1340	1345	1350	
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys
1355	1360	1365	
Asp Trp	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val

1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met
1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro

1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val

1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly

1550	1555	1560
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys
1565	1570	1575
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His
1580	1585	1590
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln
1595	1600	1605

Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Ala

1610 1615 1620

Ser Arg Gly Val Asn Lys Val Ile Leu Val Gly Asn Leu Gly Gln

1625 1630 1635

Asp Pro Glu Val Arg Tyr Met Pro Asn Gly Gly Ala Val Ala Asn

1640 1645 1650

Ile Thr Leu Ala Thr Ser Glu Ser Trp Arg Asp Lys Ala Thr Gly

1655 1660 1665

Glu Met Lys Glu Gln Thr Glu Trp His Arg Val Val Leu Phe Gly

1670 1675 1680

Lys Leu Ala Glu Val Ala Ser Glu Tyr Leu Arg Lys Gly Ser Gln

1685 1690 1695

Val Tyr Ile Glu Gly Gln Leu Arg Thr Arg Lys Trp Thr Asp Gln

1700 1705 1710

Ser Gly Gln Asp Arg Tyr Thr Thr Glu Val Val Val Asn Val Gly

1715 1720 1725

Gly Thr Met Gln Met Leu Gly Gly Arg Gln Gly Gly Gly Ala Pro

1730 1735 1740

Ala Gly Gly Asn Ile Gly Gly Gly Gln Pro Gln Gly Gly Trp Gly

1745 1750 1755

Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gly Gly Asn Gln Phe Ser Gly Gly Ala

1760 1765 1770

Gln Ser Arg Pro Gln Gln Ser Ala Pro Ala Ala Pro Ser Asn Glu

1775 1780 1785

Pro Pro Met Asp Phe Asp Asp Asp Ile Pro Phe Ser Gly Gly Ser

1790 1795 1800

Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1805 1810

<210> 402

<211> 1716

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 402

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg

115 120 125

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met

130 135 140

Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser

145 150 155 160

Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg

165 170 175

Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys

180 185 190

Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile

195 200 205

Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp

210 215 220

Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
245 250 255

Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
260 265 270

Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
275 280 285

Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
290 295 300

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
305 310 315 320

Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
325 330 335

Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
340 345 350

Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
355 360 365

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
370 375 380

Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
385 390 395 400

Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
405 410 415

Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
420 425 430

Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
435 440 445

Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
450 455 460

Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly

465 470 475 480

 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 485 490 495
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 500 505 510
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 515 520 525
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 530 535 540

 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 545 550 555 560
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 565 570 575
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 580 585 590
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 595 600 605

 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 610 615 620
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 625 630 635 640
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 660 665 670

 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 675 680 685
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 690 695 700
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 705 710 715 720

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
725 730 735

Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
740 745 750

Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
755 760 765

Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
770 775 780

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
785 790 795 800

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
805 810 815

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
820 825 830

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
835 840 845

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
850 855 860

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
865 870 875 880

Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys
885 890 895

Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn
900 905 910

Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys
915 920 925

Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp
930 935 940

Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln
945 950 955 960

Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

				965				970				975			
Ile	Lys	Lys	Gly	Ile	Leu	Gln	Thr	Val	Lys	Val	Val	Asp	Glu	Leu	Val
980				985				990							
Lys	Val	Met	Gly	Arg	His	Lys	Pro	Glu	Asn	Ile	Val	Ile	Glu	Met	Ala
995				1000				1005							
Arg	Glu	Asn	Gln	Thr	Thr	Gln	Lys	Gly	Gln	Lys	Asn	Ser	Arg	Glu	
1010				1015				1020							
Arg	Met	Lys	Arg	Ile	Glu	Glu	Gly	Ile	Lys	Glu	Leu	Gly	Ser	Gln	
1025				1030				1035							
Ile	Leu	Lys	Glu	His	Pro	Val	Glu	Asn	Thr	Gln	Leu	Gln	Asn	Glu	
1040				1045				1050							
Lys	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Gln	Asn	Gly	Arg	Asp	Met	Tyr	Val	
1055				1060				1065							
Asp	Gln	Glu	Leu	Asp	Ile	Asn	Arg	Leu	Ser	Asp	Tyr	Asp	Val	Asp	
1070				1075				1080							
His	Ile	Val	Pro	Gln	Ser	Phe	Leu	Lys	Asp	Asp	Ser	Ile	Asp	Asn	
1085				1090				1095							
Lys	Val	Leu	Thr	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Arg	Gly	Lys	Ser	Asp	Asn	
1100				1105				1110							
Val	Pro	Ser	Glu	Glu	Val	Val	Lys	Lys	Met	Lys	Asn	Tyr	Trp	Arg	
1115				1120				1125							
Gln	Leu	Leu	Asn	Ala	Lys	Leu	Ile	Thr	Gln	Arg	Lys	Phe	Asp	Asn	
1130				1135				1140							
Leu	Thr	Lys	Ala	Glu	Arg	Gly	Gly	Leu	Ser	Glu	Leu	Asp	Lys	Ala	
1145				1150				1155							
Gly	Phe	Ile	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Arg	Gln	Ile	Thr	Lys	
1160				1165				1170							
His	Val	Ala	Gln	Ile	Leu	Asp	Ser	Arg	Met	Asn	Thr	Lys	Tyr	Asp	
1175				1180				1185							
Glu	Asn	Asp	Lys	Leu	Ile	Arg	Glu	Val	Lys	Val	Ile	Thr	Leu	Lys	
1190				1195				1200							

Ser Lys	Leu Val	Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205		1210		1215
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu	
1220		1225		1230
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu	
1235		1240		1245
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg	
1250		1255		1260
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala	
1265		1270		1275
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu	
1280		1285		1290
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu	
1295		1300		1305
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp	
1310		1315		1320
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile	
1325		1330		1335
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser	
1340		1345		1350
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys	
1355		1360		1365
Asp Trp	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val	
1370		1375		1380
Ala Tyr	Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser	
1385		1390		1395
Lys Lys	Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met	
1400		1405		1410
Glu Arg	Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala	
1415		1420		1425
Lys Gly	Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro	

1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly
1550	1555	1560
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys
1565	1570	1575
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His
1580	1585	1590
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln
1595	1600	1605
Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly	Ser Gly Gly Ser Gly	Gly Ser Thr
1610	1615	1620
Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu	Lys Glu Thr Gly Lys	Gln Leu Val
1625	1630	1635
Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met	Leu Pro Glu Glu Val	Glu Glu Val
1640	1645	1650
Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser	Asp Ile Leu Val His	Thr Ala Tyr
1655	1660	1665

Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala
 1670 1675 1680
 Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly
 1685 1690 1695
 Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys
 1700 1705 1710

Arg Lys Val
 1715

<210> 403

<211> 1722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 403

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
 1 5 10 15
 Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
 20 25 30
 Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
 35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val
 50 55 60
 Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr
 65 70 75 80
 Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys
 85 90 95
 Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu
 100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg
 115 120 125
 Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met
 130 135 140

Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser
 145 150 155 160
 Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg
 165 170 175

Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys
 180 185 190
 Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile
 195 200 205
 Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp
 210 215 220
 Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
 245 250 255
 Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
 260 265 270
 Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
 275 280 285
 Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
 290 295 300

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 305 310 315 320
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 325 330 335
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 340 345 350
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
 355 360 365

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 370 375 380
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu

385 390 395 400
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 405 410 415
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 420 425 430

 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 435 440 445
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 450 455 460
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 465 470 475 480
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 485 490 495

 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 500 505 510
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 515 520 525
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 530 535 540
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 545 550 555 560

 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 565 570 575
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 580 585 590
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 595 600 605
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 610 615 620

 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 625 630 635 640

Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 660 665 670
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 675 680 685

 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 690 695 700
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 705 710 715 720
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 725 730 735
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 740 745 750

 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 755 760 765
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 770 775 780
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 785 790 795 800
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 805 810 815

 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 820 825 830
 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
 835 840 845
 Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
 850 855 860
 Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
 865 870 875 880

 Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys

885	890	895
Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn		
900	905	910
Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys		
915	920	925
Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp		
930	935	940
Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln		
945	950	955
Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
965	970	975
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val		
980	985	990
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala		
995	1000	1005
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu		
1010	1015	1020
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln		
1025	1030	1035
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu		
1040	1045	1050
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val		
1055	1060	1065
Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp		
1070	1075	1080
His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn		
1085	1090	1095
Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn		
1100	1105	1110
Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg		
1115	1120	1125

Gln Leu	Leu Asn Ala Lys Leu	Ile Thr Gln Arg Lys	Phe Asp Asn
1130	1135	1140	
Leu Thr	Lys Ala Glu Arg Gly	Gly Leu Ser Glu Leu	Asp Lys Ala
1145	1150	1155	
Gly Phe	Ile Lys Arg Gln Leu	Val Glu Thr Arg Gln	Ile Thr Lys
1160	1165	1170	
His Val	Ala Gln Ile Leu Asp	Ser Arg Met Asn Thr	Lys Tyr Asp
1175	1180	1185	
Glu Asn	Asp Lys Leu Ile Arg	Glu Val Lys Val Ile	Thr Leu Lys
1190	1195	1200	
Ser Lys	Leu Val Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205	1210	1215	
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu
1220	1225	1230	
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu
1235	1240	1245	
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg
1250	1255	1260	
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala
1265	1270	1275	
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu
1280	1285	1290	
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu
1295	1300	1305	
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp
1310	1315	1320	
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile
1325	1330	1335	
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser
1340	1345	1350	
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys

1355	1360	1365
Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val		
1370	1375	1380
Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser		
1385	1390	1395
Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met		
1400	1405	1410
Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala		
1415	1420	1425
Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro		
1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu		
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro		
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys		
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val		
1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser		
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys		
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu		
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly		
1550	1555	1560
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys		
1565	1570	1575
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His		
1580	1585	1590

Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln
1595 1600 1605

Leu Gly Gly Asp Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1610 1615 1620

Ala Thr Pro Glu Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys Glu
1625 1630 1635

Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu Pro
1640 1645 1650

Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp Ile
1655 1660 1665

Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met
1670 1675 1680

Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val
1685 1690 1695

Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser Gly
1700 1705 1710

Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1715 1720

<210> 404

<211> 1726

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 404

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg
1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu
20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His
35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50	55	60	
Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr			
65	70	75	80
Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys			
	85	90	95
Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu			
	100	105	110
Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg			
	115	120	125
Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met			
	130	135	140
Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser			
145	150	155	160
Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg			
	165	170	175
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys			
	180	185	190
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile			
	195	200	205
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp			
	210	215	220
Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser			
225	230	235	240
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly			
	245	250	255
Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly			
	260	265	270
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro			
	275	280	285
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys			
	290	295	300

Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu

305 310 315 320

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys

325 330 335

Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys

340 345 350

Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu

355 360 365

Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp

370 375 380

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys

385 390 395 400

Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu

405 410 415

Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly

420 425 430

Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu

435 440 445

Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser

450 455 460

Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg

465 470 475 480

Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly

485 490 495

Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe

500 505 510

Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys

515 520 525

Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp

530 535 540

Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile

545 550 555 560
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro

 565 570 575
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 580 585 590
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 595 600 605
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 610 615 620
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu

 625 630 635 640
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 645 650 655
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 660 665 670
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 675 680 685
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu

 690 695 700
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 705 710 715 720
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 725 730 735
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 740 745 750
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu

 755 760 765
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 770 775 780
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 785 790 795 800

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
805 810 815

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
820 825 830

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
835 840 845

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
850 855 860

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
865 870 875 880

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
885 890 895

Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys
900 905 910

Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn
915 920 925

Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys
930 935 940

Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp
945 950 955 960

Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln
965 970 975

Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala
980 985 990

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val
995 1000 1005

Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met
1010 1015 1020

Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
1025 1030 1035

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser

1040	1045	1050
Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn		
1055	1060	1065
Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr		
1070	1075	1080
Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val		
1085	1090	1095
Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp		
1100	1105	1110
Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp		
1115	1120	1125
Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp		
1130	1135	1140
Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
1145	1150	1155
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys		
1160	1165	1170
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr		
1175	1180	1185
Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr		
1190	1195	1200
Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu		
1205	1210	1215
Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr		
1220	1225	1230
Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr		
1235	1240	1245
Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys		
1250	1255	1260
Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val		
1265	1270	1275

Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser	Glu Gln Glu Ile Gly	Lys Ala Thr
1280	1285	1290
Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser	Asn Ile Met Asn Phe	Phe Lys Thr
1295	1300	1305
Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly	Glu Ile Arg Lys Arg	Pro Leu Ile
1310	1315	1320
Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly	Glu Ile Val Trp Asp	Lys Gly Arg
1325	1330	1335
Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys	Val Leu Ser Met Pro	Gln Val Asn
1340	1345	1350
Ile Val Lys Lys Thr Glu Val	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu
1355	1360	1365
Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn	Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys
1370	1375	1380
Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys	Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr
1385	1390	1395
Val Ala Tyr Ser Val Leu Val	Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys
1400	1405	1410
Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val	Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile
1415	1420	1425
Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu	Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu
1430	1435	1440
Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val	Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu
1445	1450	1455
Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu	Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met
1460	1465	1470
Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu
1475	1480	1485
Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu
1490	1495	1500
Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu	Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe

1505	1510	1515
Val Glu Gln His Lys His Tyr	Leu Asp Glu Ile Ile	Glu Gln Ile
1520	1525	1530
Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val	Ile Leu Ala Asp Ala	Asn Leu Asp
1535	1540	1545
Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn	Lys His Arg Asp Lys	Pro Ile Arg

1550	1555	1560
Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile	His Leu Phe Thr Leu	Thr Asn Leu
1565	1570	1575
Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys	Tyr Phe Asp Thr Thr	Ile Asp Arg
1580	1585	1590
Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys	Glu Val Leu Asp Ala	Thr Leu Ile
1595	1600	1605
His Gln Ser Ile Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr Arg Ile	Asp Leu Ser

1610	1615	1620
Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly	Gly Ser Thr Asn Leu	Ser Asp Ile
1625	1630	1635
Ile Glu Lys Glu Thr Gly Lys	Gln Leu Val Ile Gln	Glu Ser Ile
1640	1645	1650
Leu Met Leu Pro Glu Glu Val	Glu Glu Val Ile Gly	Asn Lys Pro
1655	1660	1665
Glu Ser Asp Ile Leu Val His	Thr Ala Tyr Asp Glu	Ser Thr Asp

1670	1675	1680
Glu Asn Val Met Leu Leu Thr	Ser Asp Ala Pro Glu	Tyr Lys Pro
1685	1690	1695
Trp Ala Leu Val Ile Gln Asp	Ser Asn Gly Glu Asn	Lys Ile Lys
1700	1705	1710
Met Leu Ser Gly Gly Ser Pro	Lys Lys Lys Arg Lys	Val
1715	1720	1725

<210> 405

<211> 1797

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<

220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 405

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50 55 60

Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr

65 70 75 80

Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys

85 90 95

Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu

100 105 110

Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg

115 120 125

Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met

130 135 140

Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser

145 150 155 160

Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg

165 170 175

Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys

180 185 190

Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile

195 200 205

Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp

210 215 220

Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
225 230 235 240
Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
245 250 255
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
260 265 270
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
275 280 285
Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
290 295 300
Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
305 310 315 320
Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
325 330 335
Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
340 345 350
Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
355 360 365
Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
370 375 380
Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
385 390 395 400
Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
405 410 415
Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
420 425 430
Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
435 440 445
Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
450 455 460
Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly

465 470 475 480
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 485 490 495
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys

 500 505 510
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 515 520 525
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 530 535 540
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 545 550 555 560
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu

 565 570 575
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 580 585 590
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 595 600 605
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 610 615 620
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu

 625 630 635 640
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 645 650 655
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 660 665 670
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 675 680 685
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser

 690 695 700
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 705 710 715 720

Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 725 730 735
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 740 745 750
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 755 760 765
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 770 775 780
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 785 790 795 800
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 805 810 815
 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 820 825 830
 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
 835 840 845
 Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
 850 855 860
 Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
 865 870 875 880
 Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys
 885 890 895
 Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn
 900 905 910
 Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys
 915 920 925
 Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp
 930 935 940
 Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln
 945 950 955 960
 Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

965	970	975
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val		
980	985	990
Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala		
995	1000	1005
Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu		
1010	1015	1020
Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln		
1025	1030	1035
Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu		
1040	1045	1050
Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val		
1055	1060	1065
Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp		
1070	1075	1080
His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn		
1085	1090	1095
Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn		
1100	1105	1110
Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg		
1115	1120	1125
Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn		
1130	1135	1140
Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala		
1145	1150	1155
Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys		
1160	1165	1170
His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp		
1175	1180	1185
Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys		
1190	1195	1200

Ser Lys	Leu Val	Ser Asp Phe	Arg Lys Asp Phe Gln	Phe Tyr Lys
1205		1210		1215
Val Arg	Glu Ile Asn Asn Tyr	His His Ala His Asp	Ala Tyr Leu	
1220		1225		1230
Asn Ala	Val Val Gly Thr Ala	Leu Ile Lys Lys Tyr	Pro Lys Leu	
1235		1240		1245
Glu Ser	Glu Phe Val Tyr Gly	Asp Tyr Lys Val Tyr	Asp Val Arg	
1250		1255		1260
Lys Met	Ile Ala Lys Ser Glu	Gln Glu Ile Gly Lys	Ala Thr Ala	
1265		1270		1275
Lys Tyr	Phe Phe Tyr Ser Asn	Ile Met Asn Phe Phe	Lys Thr Glu	
1280		1285		1290
Ile Thr	Leu Ala Asn Gly Glu	Ile Arg Lys Arg Pro	Leu Ile Glu	
1295		1300		1305
Thr Asn	Gly Glu Thr Gly Glu	Ile Val Trp Asp Lys	Gly Arg Asp	
1310		1315		1320
Phe Ala	Thr Val Arg Lys Val	Leu Ser Met Pro Gln	Val Asn Ile	
1325		1330		1335
Val Lys	Lys Thr Glu Val Gln	Thr Gly Gly Phe Ser	Lys Glu Ser	
1340		1345		1350
Ile Leu	Pro Lys Arg Asn Ser	Asp Lys Leu Ile Ala	Arg Lys Lys	
1355		1360		1365
Asp Trp	Asp Pro Lys Lys Tyr	Gly Gly Phe Asp Ser	Pro Thr Val	
1370		1375		1380
Ala Tyr	Ser Val Leu Val Val	Ala Lys Val Glu Lys	Gly Lys Ser	
1385		1390		1395
Lys Lys	Leu Lys Ser Val Lys	Glu Leu Leu Gly Ile	Thr Ile Met	
1400		1405		1410
Glu Arg	Ser Ser Phe Glu Lys	Asn Pro Ile Asp Phe	Leu Glu Ala	
1415		1420		1425
Lys Gly	Tyr Lys Glu Val Lys	Lys Asp Leu Ile Ile	Lys Leu Pro	

1430	1435	1440
Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu	Glu Asn Gly Arg Lys	Arg Met Leu
1445	1450	1455
Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln	Lys Gly Asn Glu Leu	Ala Leu Pro
1460	1465	1470
Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala Ser His	Tyr Glu Lys
1475	1480	1485
Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp	Asn Glu Gln Lys Gln	Leu Phe Val

1490	1495	1500
Glu Gln His Lys His Tyr Leu	Asp Glu Ile Ile Glu	Gln Ile Ser
1505	1510	1515
Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile	Leu Ala Asp Ala Asn	Leu Asp Lys
1520	1525	1530
Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys	His Arg Asp Lys Pro	Ile Arg Glu
1535	1540	1545
Gln Ala Glu Asn Ile Ile His	Leu Phe Thr Leu Thr	Asn Leu Gly

1550	1555	1560
Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr Thr Ile	Asp Arg Lys
1565	1570	1575
Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu	Val Leu Asp Ala Thr	Leu Ile His
1580	1585	1590
Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg Ile Asp	Leu Ser Gln
1595	1600	1605
Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly	Ser Thr Asn Leu Ser	Asp Ile Ile

1610	1615	1620
Glu Lys Glu Thr Gly Lys Gln	Leu Val Ile Gln Glu	Ser Ile Leu
1625	1630	1635
Met Leu Pro Glu Glu Val Glu	Glu Val Ile Gly Asn	Lys Pro Glu
1640	1645	1650
Ser Asp Ile Leu Val His Thr	Ala Tyr Asp Glu Ser	Thr Asp Glu
1655	1660	1665

Asn Val Met Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp

1670 1675 1680

Ala Leu Val Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met

1685 1690 1695

Leu Ser Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile Glu Lys Glu

1700 1705 1710

Thr Gly Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu Pro

1715 1720 1725

Glu Glu Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp Ile

1730 1735 1740

Leu Val His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met

1745 1750 1755

Leu Leu Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val

1760 1765 1770

Ile Gln Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser Gly

1775 1780 1785

Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1790 1795

<210> 406

<211> 1825

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 406

Met Ser Ser Glu Thr Gly Pro Val Ala Val Asp Pro Thr Leu Arg Arg

1 5 10 15

Arg Ile Glu Pro His Glu Phe Glu Val Phe Phe Asp Pro Arg Glu Leu

20 25 30

Arg Lys Glu Thr Cys Leu Leu Tyr Glu Ile Asn Trp Gly Gly Arg His

35 40 45

Ser Ile Trp Arg His Thr Ser Gln Asn Thr Asn Lys His Val Glu Val

50	55	60	
Asn Phe Ile Glu Lys Phe Thr Thr Glu Arg Tyr Phe Cys Pro Asn Thr			
65	70	75	80
Arg Cys Ser Ile Thr Trp Phe Leu Ser Trp Ser Pro Cys Gly Glu Cys			
	85	90	95
Ser Arg Ala Ile Thr Glu Phe Leu Ser Arg Tyr Pro His Val Thr Leu			
	100	105	110
Phe Ile Tyr Ile Ala Arg Leu Tyr His His Ala Asp Pro Arg Asn Arg			
	115	120	125
Gln Gly Leu Arg Asp Leu Ile Ser Ser Gly Val Thr Ile Gln Ile Met			
	130	135	140
Thr Glu Gln Glu Ser Gly Tyr Cys Trp Arg Asn Phe Val Asn Tyr Ser			
145	150	155	160
Pro Ser Asn Glu Ala His Trp Pro Arg Tyr Pro His Leu Trp Val Arg			
	165	170	175
Leu Tyr Val Leu Glu Leu Tyr Cys Ile Ile Leu Gly Leu Pro Pro Cys			
	180	185	190
Leu Asn Ile Leu Arg Arg Lys Gln Pro Gln Leu Thr Phe Phe Thr Ile			
	195	200	205
Ala Leu Gln Ser Cys His Tyr Gln Arg Leu Pro Pro His Ile Leu Trp			
	210	215	220
Ala Thr Gly Leu Lys Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser			
225	230	235	240
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly			
	245	250	255
Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly			
	260	265	270
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro			
	275	280	285
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys			
	290	295	300

Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
 305 310 315 320
 Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 325 330 335
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 340 345 350
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 355 360 365

 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
 370 375 380
 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 385 390 395 400
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 405 410 415
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 420 425 430

 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 435 440 445
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 450 455 460
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 465 470 475 480
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 485 490 495

 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 500 505 510
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 515 520 525
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 530 535 540
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile

545 550 555 560

 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 565 570 575
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 580 585 590
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 595 600 605
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 610 615 620

 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 625 630 635 640
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 645 650 655
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 660 665 670
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 675 680 685

 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 690 695 700
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 705 710 715 720
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 725 730 735
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 740 745 750

 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 755 760 765
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 770 775 780
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 785 790 795 800

Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
805 810 815

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
820 825 830

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
835 840 845

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
850 855 860

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
865 870 875 880

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu
885 890 895

Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys
900 905 910

Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn
915 920 925

Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys
930 935 940

Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp
945 950 955 960

Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln
965 970 975

Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala
980 985 990

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val
995 1000 1005

Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met
1010 1015 1020

Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg
1025 1030 1035

Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser

1040	1045	1050
Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn		
1055	1060	1065
Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr		
1070	1075	1080
Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val		
1085	1090	1095
Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp		
1100	1105	1110
Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp		
1115	1120	1125
Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp		
1130	1135	1140
Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp		
1145	1150	1155
Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys		
1160	1165	1170
Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr		
1175	1180	1185
Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr		
1190	1195	1200
Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu		
1205	1210	1215
Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr		
1220	1225	1230
Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr		
1235	1240	1245
Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys		
1250	1255	1260
Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val		
1265	1270	1275

Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser	Glu Gln Glu Ile Gly	Lys Ala Thr
1280	1285	1290
Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser	Asn Ile Met Asn Phe	Phe Lys Thr
1295	1300	1305
Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly	Glu Ile Arg Lys Arg	Pro Leu Ile
1310	1315	1320
Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly	Glu Ile Val Trp Asp	Lys Gly Arg
1325	1330	1335
Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys	Val Leu Ser Met Pro	Gln Val Asn
1340	1345	1350
Ile Val Lys Lys Thr Glu Val	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu
1355	1360	1365
Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn	Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys
1370	1375	1380
Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys	Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr
1385	1390	1395
Val Ala Tyr Ser Val Leu Val	Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys
1400	1405	1410
Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val	Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile
1415	1420	1425
Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu	Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu
1430	1435	1440
Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val	Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu
1445	1450	1455
Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu	Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met
1460	1465	1470
Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu
1475	1480	1485
Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu
1490	1495	1500
Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu	Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe

1505	1510	1515
Val Glu Gln His Lys His Tyr	Leu Asp Glu Ile Ile	Glu Gln Ile
1520	1525	1530
Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val	Ile Leu Ala Asp Ala	Asn Leu Asp
1535	1540	1545
Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn	Lys His Arg Asp Lys	Pro Ile Arg
1550	1555	1560
Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile	His Leu Phe Thr Leu	Thr Asn Leu
1565	1570	1575
Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys	Tyr Phe Asp Thr Thr	Ile Asp Arg
1580	1585	1590
Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys	Glu Val Leu Asp Ala	Thr Leu Ile
1595	1600	1605
His Gln Ser Ile Thr Gly Leu	Tyr Glu Thr Arg Ile	Asp Leu Ser
1610	1615	1620
Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly	Gly Ser Gly Gly Ser	Gly Gly Ser
1625	1630	1635
Thr Asn Leu Ser Asp Ile Ile	Glu Lys Glu Thr Gly	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu	Met Leu Pro Glu Glu	Val Glu Glu
1655	1660	1665
Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu	Ser Asp Ile Leu Val	His Thr Ala
1670	1675	1680
Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu	Asn Val Met Leu Leu	Thr Ser Asp
1685	1690	1695
Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp	Ala Leu Val Ile Gln	Asp Ser Asn
1700	1705	1710
Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met	Leu Ser Gly Gly Ser	Gly Gly Ser
1715	1720	1725
Gly Gly Ser Thr Asn Leu Ser	Asp Ile Ile Glu Lys	Glu Thr Gly
1730	1735	1740

Lys Gln Leu Val Ile Gln Glu Ser Ile Leu Met Leu Pro Glu Glu
 1745 1750 1755
 Val Glu Glu Val Ile Gly Asn Lys Pro Glu Ser Asp Ile Leu Val
 1760 1765 1770
 His Thr Ala Tyr Asp Glu Ser Thr Asp Glu Asn Val Met Leu Leu
 1775 1780 1785

Thr Ser Asp Ala Pro Glu Tyr Lys Pro Trp Ala Leu Val Ile Gln
 1790 1795 1800
 Asp Ser Asn Gly Glu Asn Lys Ile Lys Met Leu Ser Gly Gly Ser
 1805 1810 1815
 Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1820 1825

<210> 407

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 407

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Ile Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 408

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 408

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 409

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 409

Ala Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Phe

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 410

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 410

Ser Glu Val Glu Phe Ser Tyr Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Thr Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Ser His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Ser Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 411

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 411

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1	5	10	15
Leu	Ala	Lys	Arg
Ala	Trp	Asp	Glu
Gly	Glu	Val	Pro
Val	Gly	Ala	Val
20	25	30	
Leu	Val	His	Asn
Asn	Arg	Val	Ile
Gly	Glu	Gly	Trp
Asn	Arg	Pro	Ile
35	40	45	
Gly	Arg	His	Asp
Pro	Thr	Ala	His
Ala	Glu	Ile	Met
Ala	Leu	Arg	Gln
50	55	60	
Gly	Gly	Leu	Val
Met	Gln	Asn	Tyr
Arg	Leu	Ile	Asp
Ala	Thr	Leu	Tyr

65	70	75	80
Val	Thr	Phe	Glu
Pro	Cys	Val	Met
Cys	Ala	Gly	Ala
Met	Ile	His	Ser
85	90	95	
Arg	Ile	Gly	Arg
Val	Val	Phe	Gly
Val	His	Asn	Ala
Lys	Thr	Gly	Ala
100	105	110	
Ala	Gly	Ser	Leu
Met	Asp	Val	Leu
His	Tyr	Pro	Gly
Met	Asn	His	Arg
115	120	125	
Val	Glu	Ile	Thr
Glu	Gly	Ile	Leu
Ala	Asp	Glu	Cys
Asn	Asp	Leu	Leu

130	135	140
Ser	Tyr	Phe
Phe	Arg	Met
Arg	Arg	Gln
Val	Phe	Lys
Ala	Gln	Lys
Lys		
145	150	155
Ala	Gln	Ser
Ser	Thr	Asp
165		

<210> 412

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 412

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1	5	10	15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Gly Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val His Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Asp Leu Leu

130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 413

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 413

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Asp Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Lys Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Gly Leu Leu
 130 135 140
 Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 414

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 414

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Gln Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 415

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 415

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Met Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Pro Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Asp Leu Leu

130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 416

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 416

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Cys Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val His Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu

130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 417

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 417

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Leu Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165
<210> 418
<211> 166
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide
<400> 418
Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 419

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 419

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly His His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 420

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 420

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Ala Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Asn Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Glu Leu Leu

130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 421

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 421

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

 65 70 75 80
 Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
 Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 422

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 422

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
 Leu Val His Thr Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Thr Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 423

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 423

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Ser Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 424

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 424

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 425

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 425

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30
Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Arg Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 426

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 426

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30
 Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Leu Ile
 35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80
 Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
 Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 427

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 427

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 428

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 428

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 429

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 429

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Arg Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 430

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 430

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Ser Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45

Gly His His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50

55

60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65

70

75

80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85

90

95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100

105

110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115

120

125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130

135

140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145

150

155

160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 431

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 431

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1

5

10

15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20

25

30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35

40

45

Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50

55

60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 432

<211> 160

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 432

Met Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile
1 5 10 15
Glu Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala

20 25 30
Ile Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg
35 40 45

Glu Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu
50 55 60

Arg Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu
65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met

85 90 95
Ser Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Asp Asp Pro Lys Gly Gly

100 105 110
Cys Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His
115 120 125
Arg Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ser Thr Leu
130 135 140
Leu Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn

145 150 155 160

<210> 433

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 433

Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile Glu

1 5 10 15

Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala Ile

20 25 30

Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu

35 40 45

Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu Arg

50 55 60

Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met Ser

85 90 95

Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Asp Asn Pro Lys Gly Gly Cys

100 105 110

Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His Arg

115 120 125

Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ser Thr Leu Leu

130 135 140

Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn

145 150 155

<210> 434

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 434

Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile Glu

1 5 10 15

Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala Ile

 20 25 30

Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu

 35 40 45

Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu Arg

 50 55 60

Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met Ser

 85 90 95

Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Ala Asn Pro Lys Gly Gly Cys

 100 105 110

Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His Arg

 115 120 125

Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ser Thr Leu Leu

 130 135 140

Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn

145 150 155

<210> 435

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 435

Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile Glu
1 5 10 15

Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Pro Glu Val Pro Ile Gly Ala Ile
20 25 30

Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu
35 40 45

Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu Arg
50 55 60

Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met Ser
85 90 95

Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Ala Asn Pro Lys Gly Gly Cys
100 105 110

Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His Arg
115 120 125

Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ser Thr Leu Leu
130 135 140

Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn
145 150 155

<210> 436

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 436

Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile Glu
1 5 10 15

Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Pro Glu Val Pro Ile Gly Ala Ile
20 25 30

Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu

35 40 45

Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu Arg

50 55 60

Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met Ser

85 90 95

Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Ala Asn Pro Lys Gly Gly Cys

100 105 110

Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His Arg

115 120 125

Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ala Thr Leu Leu

130 135 140

Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn

145 150 155

<210> 437

<211> 159

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 437

Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile Glu

1 5 10 15

Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala Ile

20 25 30

Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu

35 40 45

Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu Arg

50 55 60

Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met Ser
 85 90 95
Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Ala Asn Pro Lys Gly Gly Cys
 100 105 110
Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His Arg

 115 120 125
Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ala Thr Leu Leu
 130 135 140
Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn
145 150 155

<210> 438

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 438

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile
 35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala
 100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 439

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 439

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Thr Ile
35 40 45
Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 440

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 440

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 441

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 441

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 442

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 442

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 443

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 443

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 444

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 444

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45
 Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
 85 90 95
 Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
 Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg
 115 120 125
 Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
 130 135 140
 Ser Asp Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys Lys
 145 150 155 160
 Ala Gln Ser Ser Thr Asp
 165

<210> 445

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 445

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
 20 25 30
 Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
 35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
 50 55 60
 Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65	70					75					80				
Val	Thr	Leu	Glu	Pro	Cys	Val	Met	Cys	Ala	Gly	Ala	Met	Ile	His	Ser
85					90					95					
Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Val	Phe	Gly	Ala	Arg	Asp	Ala	Lys	Thr	Gly	Ala
100					105					110					

Ala	Gly	Ser	Leu	Met	Asp	Val	Leu	His	His	Pro	Gly	Met	Asn	His	Arg	
115					120					125						
Val	Glu	Ile	Thr	Glu	Gly	Ile	Leu	Ala	Asp	Glu	Cys	Ala	Ala	Leu	Leu	
130					135					140						
Ser	Asp	Phe	Phe	Arg	Met	His	Arg	Gln	Glu	Ile	Lys	Ala	Gln	Lys	Lys	
145					150					155					160	
Ala	Gln	Ser	Ser	Thr	Asp											
165																

<210> 446

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 446

Ser	Glu	Val	Glu	Phe	Ser	His	Glu	Tyr	Trp	Met	Arg	His	Ala	Leu	Thr
1				5					10					15	
Leu	Ala	Lys	Arg	Ala	Trp	Asp	Glu	Arg	Glu	Val	Pro	Val	Gly	Ala	Val
			20					25					30		
Leu	Val	His	Asn	Asn	Arg	Val	Ile	Gly	Glu	Gly	Trp	Asn	Arg	Pro	Ile
		35					40					45			
Gly	Arg	His	Asp	Pro	Thr	Ala	His	Ala	Glu	Ile	Met	Ala	Leu	Arg	Gln

50					55					60									
Gly	Gly	Leu	Val	Met	Gln	Asn	Tyr	Arg	Leu	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu	Tyr				
65					70					75					80				
Val	Thr	Phe	Glu	Pro	Cys	Val	Met	Cys	Ala	Gly	Ala	Met	Ile	His	Ser				
85					90					95									
Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Val	Phe	Gly	Val	Arg	Asn	Ala	Lys	Thr	Gly	Ala				

100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 447

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 447

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile

35 40 45
Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140
Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 448

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 448

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30
Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile
35 40 45
Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140
Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165
<210> 449
<211> 166
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide
<400> 449
Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15
Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30
Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile
35 40 45
Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60
Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95
Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110
Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125
Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140
Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160
Ala Gln Ser Ser Thr Asp
165

<210> 450

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 450

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile

35 40 45

Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165

<210> 451

<211> 160

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 451

Met Gly Ser His Met Thr Asn Asp Ile Tyr Phe Met Thr Leu Ala Ile
 1 5 10 15
 Glu Glu Ala Lys Lys Ala Ala Gln Leu Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala
 20 25 30
 Ile Ile Thr Lys Asp Asp Glu Val Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg
 35 40 45
 Glu Thr Leu Gln Gln Pro Thr Ala His Ala Glu His Ile Ala Ile Glu
 50 55 60

Arg Ala Ala Lys Val Leu Gly Ser Trp Arg Leu Glu Gly Cys Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Thr Ile Val Met
 85 90 95
 Ser Arg Ile Pro Arg Val Val Tyr Gly Ala Asp Asp Pro Lys Gly Gly
 100 105 110
 Cys Ser Gly Ser Leu Met Asn Leu Leu Gln Gln Ser Asn Phe Asn His
 115 120 125

Arg Ala Ile Val Asp Lys Gly Val Leu Lys Glu Ala Cys Ser Thr Leu
 130 135 140
 Leu Thr Thr Phe Phe Lys Asn Leu Arg Ala Asn Lys Lys Ser Thr Asn
 145 150 155 160

<210> 452

<211> 161

<212> PRT

<213> Bacillus subtilis

<400> 452

Met Thr Gln Asp Glu Leu Tyr Met Lys Glu Ala Ile Lys Glu Ala Lys
 1 5 10 15
 Lys Ala Glu Glu Lys Gly Glu Val Pro Ile Gly Ala Val Leu Val Ile
 20 25 30
 Asn Gly Glu Ile Ile Ala Arg Ala His Asn Leu Arg Glu Thr Glu Gln
 35 40 45
 Arg Ser Ile Ala His Ala Glu Met Leu Val Ile Asp Glu Ala Cys Lys

50 55 60
Ala Leu Gly Thr Trp Arg Leu Glu Gly Ala Thr Leu Tyr Val Thr Leu
65 70 75 80
Glu Pro Cys Pro Met Cys Ala Gly Ala Val Val Leu Ser Arg Val Glu

85 90 95
Lys Val Val Phe Gly Ala Phe Asp Pro Lys Gly Gly Cys Ser Gly Thr
100 105 110
Leu Met Asn Leu Leu Gln Glu Glu Arg Phe Asn His Gln Ala Glu Val
115 120 125
Val Ser Gly Val Leu Glu Glu Glu Cys Gly Gly Met Leu Ser Ala Phe
130 135 140
Phe Arg Glu Leu Arg Lys Lys Lys Lys Ala Ala Arg Lys Asn Leu Ser

145 150 155 160
Glu

<210> 453

<211> 183

<212> PRT

<213> Salmonella typhimurium

<400> 453

Met Pro Pro Ala Phe Ile Thr Gly Val Thr Ser Leu Ser Asp Val Glu
1 5 10 15
Leu Asp His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg
20 25 30
Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val His Asn
35 40 45

His Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile Gly Arg His Asp
50 55 60
Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val
65 70 75 80
Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Leu Asp Thr Thr Leu Tyr Val Thr Leu Glu
85 90 95

Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Val His Ser Arg Ile Gly Arg
100 105 110

Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu
115 120 125

Ile Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Ile
130 135 140

Glu Gly Val Leu Arg Asp Glu Cys Ala Thr Leu Leu Ser Asp Phe Phe
145 150 155 160

Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Leu Lys Lys Ala Asp Arg Ala
165 170 175

Glu Gly Ala Gly Pro Ala Val
180

<210> 454

<211> 164

<212> PRT

<213> Shewanella putrefaciens

<400> 454

Met Asp Glu Tyr Trp Met Gln Val Ala Met Gln Met Ala Glu Lys Ala
1 5 10 15

Glu Ala Ala Gly Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Lys Asp Gly
20 25 30

Gln Gln Ile Ala Thr Gly Tyr Asn Leu Ser Ile Ser Gln His Asp Pro
35 40 45

Thr Ala His Ala Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Ala Gly Lys Lys Leu
50 55 60

Glu Asn Tyr Arg Leu Leu Asp Ala Thr Leu Tyr Ile Thr Leu Glu Pro
65 70 75 80

Cys Ala Met Cys Ala Gly Ala Met Val His Ser Arg Ile Ala Arg Val
85 90 95

Val Tyr Gly Ala Arg Asp Glu Lys Thr Gly Ala Ala Gly Thr Val Val
100 105 110

Asn Leu Leu Gln His Pro Ala Phe Asn His Gln Val Glu Val Thr Ser
115 120 125
Gly Val Leu Ala Glu Ala Cys Ser Ala Gln Leu Ser Arg Phe Phe Lys
130 135 140
Arg Arg Arg Asp Glu Lys Lys Ala Leu Lys Leu Ala Gln Arg Ala Gln
145 150 155 160
Gln Gly Ile Glu

<210> 455

<211> 173

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae

<400> 455

Met Asp Ala Ala Lys Val Arg Ser Glu Phe Asp Glu Lys Met Met Arg
1 5 10 15
Tyr Ala Leu Glu Leu Ala Asp Lys Ala Glu Ala Leu Gly Glu Ile Pro
20 25 30
Val Gly Ala Val Leu Val Asp Asp Ala Arg Asn Ile Ile Gly Glu Gly
35 40 45
Trp Asn Leu Ser Ile Val Gln Ser Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile
50 55 60

Ile Ala Leu Arg Asn Gly Ala Lys Asn Ile Gln Asn Tyr Arg Leu Leu
65 70 75 80
Asn Ser Thr Leu Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Thr Met Cys Ala Gly
85 90 95
Ala Ile Leu His Ser Arg Ile Lys Arg Leu Val Phe Gly Ala Ser Asp
100 105 110
Tyr Lys Thr Gly Ala Ile Gly Ser Arg Phe His Phe Phe Asp Asp Tyr
115 120 125

Lys Met Asn His Thr Leu Glu Ile Thr Ser Gly Val Leu Ala Glu Glu
130 135 140
Cys Ser Gln Lys Leu Ser Thr Phe Phe Gln Lys Arg Arg Glu Glu Lys

145 150 155 160
Lys Ile Glu Lys Ala Leu Leu Lys Ser Leu Ser Asp Lys

165 170

<210> 456

<211> 161

<212> PRT

<213> *Caulobacter crescentus*

<400> 456

Met Arg Thr Asp Glu Ser Glu Asp Gln Asp His Arg Met Met Arg Leu

1 5 10 15
Ala Leu Asp Ala Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala Gly Glu Thr Pro Val

20 25 30
Gly Ala Val Ile Leu Asp Pro Ser Thr Gly Glu Val Ile Ala Thr Ala

35 40 45
Gly Asn Gly Pro Ile Ala Ala His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile

50 55 60
Ala Ala Met Arg Ala Ala Ala Ala Lys Leu Gly Asn Tyr Arg Leu Thr

65 70 75 80
Asp Leu Thr Leu Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ala Met Cys Ala Gly

85 90 95
Ala Ile Ser His Ala Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Asp Asp

100 105 110
Pro Lys Gly Gly Ala Val Val His Gly Pro Lys Phe Phe Ala Gln Pro

115 120 125
Thr Cys His Trp Arg Pro Glu Val Thr Gly Gly Val Leu Ala Asp Glu

130 135 140
Ser Ala Asp Leu Leu Arg Gly Phe Phe Arg Ala Arg Arg Lys Ala Lys

145 150 155 160
Ile

<210> 457

<211> 179

<212> PRT

<213> Geobacter sulfurreducens

<400> 457

Met Ser Ser Leu Lys Lys Thr Pro Ile Arg Asp Asp Ala Tyr Trp Met

1 5 10 15

Gly Lys Ala Ile Arg Glu Ala Ala Lys Ala Ala Ala Arg Asp Glu Val

20 25 30

Pro Ile Gly Ala Val Ile Val Arg Asp Gly Ala Val Ile Gly Arg Gly

35 40 45

His Asn Leu Arg Glu Gly Ser Asn Asp Pro Ser Ala His Ala Glu Met

50 55 60

Ile Ala Ile Arg Gln Ala Ala Arg Arg Ser Ala Asn Trp Arg Leu Thr

65 70 75 80

Gly Ala Thr Leu Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Leu Met Cys Met Gly

85 90 95

Ala Ile Ile Leu Ala Arg Leu Glu Arg Val Val Phe Gly Cys Tyr Asp

100 105 110

Pro Lys Gly Gly Ala Ala Gly Ser Leu Tyr Asp Leu Ser Ala Asp Pro

115 120 125

Arg Leu Asn His Gln Val Arg Leu Ser Pro Gly Val Cys Gln Glu Glu

130 135 140

Cys Gly Thr Met Leu Ser Asp Phe Phe Arg Asp Leu Arg Arg Arg Lys

145 150 155 160

Lys Ala Lys Ala Thr Pro Ala Leu Phe Ile Asp Glu Arg Lys Val Pro

165 170 175

Pro Glu Pro

<210> 458

<211> 1774

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 458

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr
1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val
20 25 30

Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile
35 40 45

Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln
50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser
85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg
115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu
130 135 140

Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys
145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly
165 170 175

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly
180 185 190

Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp
195 200 205

Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu
210 215 220

Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu
225 230 235 240

Gly Trp Asn Arg Pro Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
 245 250 255
 Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu
 260 265 270
 Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala
 275 280 285

 Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg
 290 295 300
 Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr
 305 310 315 320
 Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp
 325 330 335
 Glu Cys Ala Ala Leu Leu Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val
 340 345 350

 Phe Lys Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser
 355 360 365
 Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
 370 375 380
 Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys Tyr
 385 390 395 400
 Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile
 405 410 415

 Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn
 420 425 430
 Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe
 435 440 445
 Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg
 450 455 460
 Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile
 465 470 475 480

 Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu

485	490	495
Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro		
500	505	510
Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro		
515	520	525
Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala		
530	535	540
Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg		
545	550	555
Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val		
565	570	575
Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu		
580	585	590
Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser		
595	600	605
Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu		
610	615	620
Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser		
625	630	635
Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp		
645	650	655
Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn		
660	665	670
Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala		
675	680	685
Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn		
690	695	700
Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr		
705	710	715
Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln		
725	730	735

Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn
740 745 750

Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr
755 760 765

Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu
770 775 780

Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe
785 790 795 800

Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala
805 810 815

Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg
820 825 830

Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly
835 840 845

Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser
850 855 860

Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly
865 870 875 880

Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn
885 890 895

Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr
900 905 910

Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly
915 920 925

Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val
930 935 940

Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys
945 950 955 960

Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser
965 970 975

Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu

980	985	990
Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp	Phe Leu Asp Asn Glu	Glu Asn Glu
995	1000	1005
Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val	Leu Thr Leu Thr Leu	Phe Glu Asp
1010	1015	1020
Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg	Leu Lys Thr Tyr Ala	His Leu Phe
1025	1030	1035
Asp Asp Lys Val Met Lys Gln	Leu Lys Arg Arg Arg	Tyr Thr Gly
1040	1045	1050
Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys	Leu Ile Asn Gly Ile	Arg Asp Lys
1055	1060	1065
Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu	Asp Phe Leu Lys Ser	Asp Gly Phe
1070	1075	1080
Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln	Leu Ile His Asp Asp	Ser Leu Thr
1085	1090	1095
Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys	Ala Gln Val Ser Gly	Gln Gly Asp
1100	1105	1110
Ser Leu His Glu His Ile Ala	Asn Leu Ala Gly Ser	Pro Ala Ile
1115	1120	1125
Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr	Val Lys Val Val Asp	Glu Leu Val
1130	1135	1140
Lys Val Met Gly Arg His Lys	Pro Glu Asn Ile Val	Ile Glu Met
1145	1150	1155
Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr	Gln Lys Gly Gln Lys	Asn Ser Arg
1160	1165	1170
Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu	Glu Gly Ile Lys Glu	Leu Gly Ser
1175	1180	1185
Gln Ile Leu Lys Glu His Pro	Val Glu Asn Thr Gln	Leu Gln Asn
1190	1195	1200
Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr	Leu Gln Asn Gly Arg	Asp Met Tyr
1205	1210	1215

Val Asp	Gln Glu	Leu Asp	Ile Asn	Arg Leu	Ser Asp	Tyr Asp	Val
1220			1225			1230	
Asp His	Ile Val	Pro Gln	Ser Phe	Leu Lys	Asp Asp	Ser Ile	Asp
1235			1240			1245	
Asn Lys	Val Leu	Thr Arg	Ser Asp	Lys Asn	Arg Gly	Lys Ser	Asp
1250			1255			1260	
Asn Val	Pro Ser	Glu Glu	Val Val	Lys Lys	Met Lys	Asn Tyr	Trp
1265			1270			1275	
Arg Gln	Leu Leu	Asn Ala	Lys Leu	Ile Thr	Gln Arg	Lys Phe	Asp
1280			1285			1290	
Asn Leu	Thr Lys	Ala Glu	Arg Gly	Gly Leu	Ser Glu	Leu Asp	Lys
1295			1300			1305	
Ala Gly	Phe Ile	Lys Arg	Gln Leu	Val Glu	Thr Arg	Gln Ile	Thr
1310			1315			1320	
Lys His	Val Ala	Gln Ile	Leu Asp	Ser Arg	Met Asn	Thr Lys	Tyr
1325			1330			1335	
Asp Glu	Asn Asp	Lys Leu	Ile Arg	Glu Val	Lys Val	Ile Thr	Leu
1340			1345			1350	
Lys Ser	Lys Leu	Val Ser	Asp Phe	Arg Lys	Asp Phe	Gln Phe	Tyr
1355			1360			1365	
Lys Val	Arg Glu	Ile Asn	Asn Tyr	His His	Ala His	Asp Ala	Tyr
1370			1375			1380	
Leu Asn	Ala Val	Val Gly	Thr Ala	Leu Ile	Lys Lys	Tyr Pro	Lys
1385			1390			1395	
Leu Glu	Ser Glu	Phe Val	Tyr Gly	Asp Tyr	Lys Val	Tyr Asp	Val
1400			1405			1410	
Arg Lys	Met Ile	Ala Lys	Ser Glu	Gln Glu	Ile Gly	Lys Ala	Thr
1415			1420			1425	
Ala Lys	Tyr Phe	Phe Tyr	Ser Asn	Ile Met	Asn Phe	Phe Lys	Thr
1430			1435			1440	
Glu Ile	Thr Leu	Ala Asn	Gly Glu	Ile Arg	Lys Arg	Pro Leu	Ile

1445	1450	1455
Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly	Glu Ile Val Trp Asp	Lys Gly Arg
1460	1465	1470
Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys	Val Leu Ser Met Pro	Gln Val Asn
1475	1480	1485
Ile Val Lys Lys Thr Glu Val	Gln Thr Gly Gly Phe	Ser Lys Glu
1490	1495	1500
Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn	Ser Asp Lys Leu Ile	Ala Arg Lys
1505	1510	1515
Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys	Tyr Gly Gly Phe Asp	Ser Pro Thr
1520	1525	1530
Val Ala Tyr Ser Val Leu Val	Val Ala Lys Val Glu	Lys Gly Lys
1535	1540	1545
Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val	Lys Glu Leu Leu Gly	Ile Thr Ile
1550	1555	1560
Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu	Lys Asn Pro Ile Asp	Phe Leu Glu
1565	1570	1575
Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val	Lys Lys Asp Leu Ile	Ile Lys Leu
1580	1585	1590
Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu	Leu Glu Asn Gly Arg	Lys Arg Met
1595	1600	1605
Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu	Gln Lys Gly Asn Glu	Leu Ala Leu
1610	1615	1620
Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe	Leu Tyr Leu Ala Ser	His Tyr Glu
1625	1630	1635
Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu	Asp Asn Glu Gln Lys	Gln Leu Phe
1640	1645	1650
Val Glu Gln His Lys His Tyr	Leu Asp Glu Ile Ile	Glu Gln Ile
1655	1660	1665
Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val	Ile Leu Ala Asp Ala	Asn Leu Asp
1670	1675	1680

Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg
1685 1690 1695

Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu
1700 1705 1710

Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg
1715 1720 1725

Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile
1730 1735 1740

His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser
1745 1750 1755

Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys
1760 1765 1770

Val

<210> 459

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 459

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg
210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
245 250 255

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
325 330 335

Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln

340	345	350
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly		
355	360	365
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
370	375	380
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys		
385	390	395
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val		
405	410	415
Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly		
420	425	430
Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu		
435	440	445
Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala		
450	455	460
Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu		
465	470	475
Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg		
485	490	495
Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His		
500	505	510
Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr		
515	520	525
Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys		
530	535	540
Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe		
545	550	555
Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp		
565	570	575
Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe		
580	585	590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620

 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685

 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750

 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780
 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
 805 810 815

 Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
 820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

835	840	845	
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys			
850	855	860	
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys			
885	890	895	
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu			
900	905	910	
Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu			
915	920	925	
Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile			
930	935	940	
Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu			
945	950	955	960
Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile			
965	970	975	
Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp			
980	985	990	
Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn			
995	1000	1005	
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu			
1010	1015	1020	
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu			
1025	1030	1035	
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
1040	1045	1050	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp			
1055	1060	1065	
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly			
1070	1075	1080	

Phe Ala	Asn Arg	Asn Phe	Met	Gln Leu	Ile His	Asp	Asp Ser	Leu
1085			1090			1095		
Thr Phe	Lys Glu	Asp Ile	Gln	Lys Ala	Gln Val	Ser	Gly Gln	Gly
1100			1105			1110		
Asp Ser	Leu His	Glu His	Ile	Ala Asn	Leu Ala	Gly	Ser Pro	Ala
1115			1120			1125		
Ile Lys	Lys Gly	Ile Leu	Gln	Thr Val	Lys Val	Val	Asp Glu	Leu
1130			1135			1140		
Val Lys	Val Met	Gly Arg	His	Lys Pro	Glu Asn	Ile	Val Ile	Glu
1145			1150			1155		
Met Ala	Arg Glu	Asn Gln	Thr	Thr Gln	Lys Gly	Gln	Lys Asn	Ser
1160			1165			1170		
Arg Glu	Arg Met	Lys Arg	Ile	Glu Glu	Gly Ile	Lys	Glu Leu	Gly
1175			1180			1185		
Ser Gln	Ile Leu	Lys Glu	His	Pro Val	Glu Asn	Thr	Gln Leu	Gln
1190			1195			1200		
Asn Glu	Lys Leu	Tyr Leu	Tyr	Tyr Leu	Gln Asn	Gly	Arg Asp	Met
1205			1210			1215		
Tyr Val	Asp Gln	Glu Leu	Asp	Ile Asn	Arg Leu	Ser	Asp Tyr	Asp
1220			1225			1230		
Val Asp	His Ile	Val Pro	Gln	Ser Phe	Leu Lys	Asp	Asp Ser	Ile
1235			1240			1245		
Asp Asn	Lys Val	Leu Thr	Arg	Ser Asp	Lys Asn	Arg	Gly Lys	Ser
1250			1255			1260		
Asp Asn	Val Pro	Ser Glu	Glu	Val Val	Lys Lys	Met	Lys Asn	Tyr
1265			1270			1275		
Trp Arg	Gln Leu	Leu Asn	Ala	Lys Leu	Ile Thr	Gln	Arg Lys	Phe
1280			1285			1290		
Asp Asn	Leu Thr	Lys Ala	Glu	Arg Gly	Gly Leu	Ser	Glu Leu	Asp
1295			1300			1305		
Lys Ala	Gly Phe	Ile Lys	Arg	Gln Leu	Val Glu	Thr	Arg Gln	Ile

1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asp Lys Gly
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545

Lys Ser	Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560	
Ile Met	Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575	
Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590	
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605	
Met Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620	
Leu Pro	Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635	
Glu Lys	Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650	
Phe Val	Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665	
Ile Ser	Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680	
Asp Lys	Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695	
Arg Glu	Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710	
Leu Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725	
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740	
Ile His	Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745	1750	1755	
Ser Gln	Leu Gly Gly Asp Ser	Gly Gly Ser Pro Lys	Lys Lys Arg
1760	1765	1770	
Lys Val			
1775			

<210> 460

<211> 1767

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 460

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr	Leu Ala Lys Arg Ala Arg Asp Glu Arg		
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val	Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly		
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile	Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala		
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln	Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg		
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr	Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys		
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser	Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val		
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala	Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His		
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg	Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala		
325	330	335	
Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu	Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln		
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys	Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly		
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly	Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
370	375	380	
Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys	Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly		
385	390	395	400
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala	Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro		
405	410	415	
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu	Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys		
420	425	430	
Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu	Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu		
435	440	445	

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
450 455 460

Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
465 470 475 480

Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
485 490 495

Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
500 505 510

Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
515 520 525

Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
530 535 540

Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
545 550 555 560

Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
565 570 575

Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
580 585 590

Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
595 600 605

Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
610 615 620

Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
625 630 635 640

Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
645 650 655

Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
660 665 670

Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
675 680 685

Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro

690 695 700

 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 705 710 715 720
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 725 730 735
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 740 745 750
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 755 760 765

 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 770 775 780
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 785 790 795 800
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 805 810 815
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 820 825 830

 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 835 840 845
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 850 855 860
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 865 870 875 880
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 885 890 895

 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 900 905 910
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 915 920 925
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 930 935 940

Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
945 950 955 960

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
965 970 975

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
980 985 990

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
995 1000 1005

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg
1010 1015 1020

Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
1025 1030 1035

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys
1040 1045 1050

Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu
1055 1060 1065

Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln
1070 1075 1080

Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys
1085 1090 1095

Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala
1100 1105 1110

Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr
1115 1120 1125

Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys
1130 1135 1140

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
1145 1150 1155

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu
1160 1165 1170

Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro

1175	1180	1185
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln	Asn Glu Lys Leu Tyr	Leu Tyr Tyr
1190	1195	1200
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met	Tyr Val Asp Gln Glu	Leu Asp Ile
1205	1210	1215
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp	Val Asp His Ile Val	Pro Gln Ser
1220	1225	1230
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile	Asp Asn Lys Val Leu	Thr Arg Ser
1235	1240	1245
Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser	Asp Asn Val Pro Ser	Glu Glu Val
1250	1255	1260
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr	Trp Arg Gln Leu Leu	Asn Ala Lys
1265	1270	1275
Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe	Asp Asn Leu Thr Lys	Ala Glu Arg
1280	1285	1290
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp	Lys Ala Gly Phe Ile	Lys Arg Gln
1295	1300	1305
Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile	Thr Lys His Val Ala	Gln Ile Leu
1310	1315	1320
Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys	Tyr Asp Glu Asn Asp	Lys Leu Ile
1325	1330	1335
Arg Glu Val Lys Val Ile Thr	Leu Lys Ser Lys Leu	Val Ser Asp
1340	1345	1350
Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe	Tyr Lys Val Arg Glu	Ile Asn Asn
1355	1360	1365
Tyr His His Ala His Asp Ala	Tyr Leu Asn Ala Val	Val Gly Thr
1370	1375	1380
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro	Lys Leu Glu Ser Glu	Phe Val Tyr
1385	1390	1395
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp	Val Arg Lys Met Ile	Ala Lys Ser
1400	1405	1410

Glu Gln	Glu Ile Gly Lys Ala	Thr Ala Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser
1415	1420	1425	
Asn Ile	Met Asn Phe Phe Lys	Thr Glu Ile Thr Leu	Ala Asn Gly
1430	1435	1440	
Glu Ile	Arg Lys Arg Pro Leu	Ile Glu Thr Asn Gly	Glu Thr Gly
1445	1450	1455	
Glu Ile	Val Trp Asp Lys Gly	Arg Asp Phe Ala Thr	Val Arg Lys
1460	1465	1470	
Val Leu	Ser Met Pro Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Val
1475	1480	1485	
Gln Thr	Gly Gly Phe Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Pro	Lys Arg Asn
1490	1495	1500	
Ser Asp	Lys Leu Ile Ala Arg	Lys Lys Asp Trp Asp	Pro Lys Lys
1505	1510	1515	
Tyr Gly	Gly Phe Asp Ser Pro	Thr Val Ala Tyr Ser	Val Leu Val
1520	1525	1530	
Val Ala	Lys Val Glu Lys Gly	Lys Ser Lys Lys Leu	Lys Ser Val
1535	1540	1545	
Lys Glu	Leu Leu Gly Ile Thr	Ile Met Glu Arg Ser	Ser Phe Glu
1550	1555	1560	
Lys Asn	Pro Ile Asp Phe Leu	Glu Ala Lys Gly Tyr	Lys Glu Val
1565	1570	1575	
Lys Lys	Asp Leu Ile Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu
1580	1585	1590	
Leu Glu	Asn Gly Arg Lys Arg	Met Leu Ala Ser Ala	Gly Glu Leu
1595	1600	1605	
Gln Lys	Gly Asn Glu Leu Ala	Leu Pro Ser Lys Tyr	Val Asn Phe
1610	1615	1620	
Leu Tyr	Leu Ala Ser His Tyr	Glu Lys Leu Lys Gly	Ser Pro Glu
1625	1630	1635	
Asp Asn	Glu Gln Lys Gln Leu	Phe Val Glu Gln His	Lys His Tyr

1640 1645 1650
 Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val
 1655 1660 1665
 Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn
 1670 1675 1680

 Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile
 1685 1690 1695
 His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys
 1700 1705 1710
 Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys
 1715 1720 1725
 Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu
 1730 1735 1740

 Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly
 1745 1750 1755
 Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1760 1765
 <210> 461
 <211> 1775
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 461
 Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65					70				75				80				
Tyr	Val	Thr	Leu	Glu	Pro	Cys	Val	Met	Cys	Ala	Gly	Ala	Met	Ile	His		
				85				90				95					
Ser	Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Val	Phe	Gly	Ala	Arg	Asp	Ala	Lys	Thr	Gly		
				100				105				110					
Ala	Ala	Gly	Ser	Leu	Met	Asp	Val	Leu	His	His	Pro	Gly	Met	Asn	His		
				115				120				125					
Arg	Val	Glu	Ile	Thr	Glu	Gly	Ile	Leu	Ala	Asp	Glu	Cys	Ala	Ala	Leu		
				130				135				140					
Leu	Ser	Asp	Phe	Phe	Arg	Met	Arg	Arg	Gln	Glu	Ile	Lys	Ala	Gln	Lys		
				145				150				155				160	
Lys	Ala	Gln	Ser	Ser	Thr	Asp	Ser	Gly	Gly	Ser	Ser	Gly	Gly	Ser	Ser		
				165				170				175					
Gly	Ser	Glu	Thr	Pro	Gly	Thr	Ser	Glu	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser		
				180				185				190					
Gly	Gly	Ser	Ser	Gly	Gly	Ser	Ser	Glu	Val	Glu	Phe	Ser	His	Glu	Tyr		
				195				200				205					
Trp	Met	Arg	His	Ala	Leu	Thr	Leu	Ala	Lys	Arg	Ala	Trp	Asp	Glu	Arg		
				210				215				220					
Glu	Val	Pro	Val	Gly	Ala	Val	Leu	Val	His	Asn	Asn	Arg	Val	Ile	Gly		
				225				230				235				240	
Glu	Gly	Trp	Asn	Arg	Pro	Ile	Gly	Arg	His	Asp	Pro	Thr	Ala	His	Ala		
				245				250				255					
Glu	Ile	Met	Ala	Leu	Arg	Gln	Gly	Gly	Leu	Val	Met	Gln	Asn	Tyr	Arg		
				260				265				270					
Leu	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu	Tyr	Val	Thr	Phe	Glu	Pro	Cys	Val	Met	Cys		
				275				280				285					
Ala	Gly	Ala	Met	Ile	His	Ser	Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Val	Phe	Gly	Val		
				290				295				300					
Arg	Asn	Ala	Lys	Thr	Gly	Ala	Ala	Gly	Ser	Leu	Met	Asp	Val	Leu	His		
				305				310				315				320	

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335
 Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Ser Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln
 340 345 350
 Val Phe Lys Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400
 Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
 405 410 415
 Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
 420 425 430
 Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495
 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
 500 505 510
 Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
 515 520 525
 Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
 530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
 545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp

565 570 575
 Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
 580 585 590
 Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu

 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620
 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp

 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg

 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750
 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780
 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr

 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
 805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
820 825 830

Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
835 840 845

Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys
850 855 860

Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys
865 870 875 880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
885 890 895

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
930 935 940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
980 985 990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
995 1000 1005

Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
1010 1015 1020

Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
1025 1030 1035

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
1040 1045 1050

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp

1055	1060	1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly		
1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu		
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly		

1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		

1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		

1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe		

1280	1285	1290

Asp Asn	Leu Thr	Lys Ala	Glu Arg	Gly Gly	Leu Ser	Glu Leu	Asp
1295			1300			1305	
Lys Ala	Gly Phe	Ile Lys	Arg Gln	Leu Val	Glu Thr	Arg Gln	Ile
1310			1315			1320	
Thr Lys	His Val	Ala Gln	Ile Leu	Asp Ser	Arg Met	Asn Thr	Lys
1325			1330			1335	
Tyr Asp	Glu Asn	Asp Lys	Leu Ile	Arg Glu	Val Lys	Val Ile	Thr
1340			1345			1350	
Leu Lys	Ser Lys	Leu Val	Ser Asp	Phe Arg	Lys Asp	Phe Gln	Phe
1355			1360			1365	
Tyr Lys	Val Arg	Glu Ile	Asn Asn	Tyr His	His Ala	His Asp	Ala
1370			1375			1380	
Tyr Leu	Asn Ala	Val Val	Gly Thr	Ala Leu	Ile Lys	Lys Tyr	Pro
1385			1390			1395	
Lys Leu	Glu Ser	Glu Phe	Val Tyr	Gly Asp	Tyr Lys	Val Tyr	Asp
1400			1405			1410	
Val Arg	Lys Met	Ile Ala	Lys Ser	Glu Gln	Glu Ile	Gly Lys	Ala
1415			1420			1425	
Thr Ala	Lys Tyr	Phe Phe	Tyr Ser	Asn Ile	Met Asn	Phe Phe	Lys
1430			1435			1440	
Thr Glu	Ile Thr	Leu Ala	Asn Gly	Glu Ile	Arg Lys	Arg Pro	Leu
1445			1450			1455	
Ile Glu	Thr Asn	Gly Glu	Thr Gly	Glu Ile	Val Trp	Asp Lys	Gly
1460			1465			1470	
Arg Asp	Phe Ala	Thr Val	Arg Lys	Val Leu	Ser Met	Pro Gln	Val
1475			1480			1485	
Asn Ile	Val Lys	Lys Thr	Glu Val	Gln Thr	Gly Gly	Phe Ser	Lys
1490			1495			1500	
Glu Ser	Ile Leu	Pro Lys	Arg Asn	Ser Asp	Lys Leu	Ile Ala	Arg
1505			1510			1515	
Lys Lys	Asp Trp	Asp Pro	Lys Lys	Tyr Gly	Gly Phe	Asp Ser	Pro

1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys

1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu

1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn

1700	1705	1710
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745	1750	1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg

1760

1765

1770

Lys Val

1775

<210> 462

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 462

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35

40

45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100

105

110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165	170	175	
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser			
180	185	190	
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr			
195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
325	330	335	
Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys			
385	390	395	400
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val			
405	410	415	

Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly

420 425 430

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu

435 440 445

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala

450 455 460

Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu

465 470 475 480

Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg

485 490 495

Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His

500 505 510

Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr

515 520 525

Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys

530 535 540

Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe

545 550 555 560

Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp

565 570 575

Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe

580 585 590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu

595 600 605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln

610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu

625 630 635 640

Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu

645 650 655

Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp

660 665 670
Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala

675 680 685
Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val

690 695 700
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg

705 710 715 720
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg

725 730 735
Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys

740 745 750
Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe

755 760 765
Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu

770 775 780
Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr

785 790 795 800
Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His

805 810 815
Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn

820 825 830
Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

835 840 845
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys

850 855 860
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys

865 870 875 880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys

885 890 895
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu

900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
 915 920 925
 Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
 930 935 940
 Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
 945 950 955 960
 Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
 965 970 975
 Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
 980 985 990
 Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
 995 1000 1005
 Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
 1010 1015 1020
 Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
 1025 1030 1035
 Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 1040 1045 1050
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 1055 1060 1065
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu
 1085 1090 1095
 Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly
 1100 1105 1110
 Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala
 1115 1120 1125
 Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu
 1130 1135 1140
 Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu

1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380

Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg		
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		

1610 1615 1620
 Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr
 1625 1630 1635
 Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
 1640 1645 1650
 Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1655 1660 1665
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1670 1675 1680
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1685 1690 1695
 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1700 1705 1710
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1715 1720 1725
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1730 1735 1740
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1745 1750 1755
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
 1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 463

<211> 1767

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 463

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
 165 170 175
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

 180 185 190
 Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
 195 200 205
 Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg
 210 215 220
 Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
 225 230 235 240
 Glu Gly Trp Asn Arg Pro Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala

 245 250 255
 Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285
 Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
 290 295 300
 Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His

 305 310 315 320
 Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335
 Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln
 340 345 350
 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
 385 390 395 400
 Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
 405 410 415
 Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
 420 425 430
 Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu

 435 440 445
 Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 450 455 460
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 465 470 475 480
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 485 490 495
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp

 500 505 510
 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys

515 520 525
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 530 535 540
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 545 550 555 560
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu

 565 570 575
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 580 585 590
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 595 600 605
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 610 615 620
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe

 625 630 635 640
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 645 650 655
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 660 665 670
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 675 680 685
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro

 690 695 700
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 705 710 715 720
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 725 730 735
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 740 745 750
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu

 755 760 765

Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 770 775 780
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 785 790 795 800
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 805 810 815
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 820 825 830
 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 835 840 845
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 850 855 860
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 865 870 875 880
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 885 890 895
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 900 905 910
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 915 920 925
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 930 935 940
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 945 950 955 960
 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 965 970 975
 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
 980 985 990
 Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
 995 1000 1005
 Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg

1010	1015	1020
Leu Lys Thr Tyr Ala His	Leu Phe Asp Asp Lys Val	Met Lys Gln
1025	1030	1035
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr	Gly Trp Gly Arg Leu	Ser Arg Lys
1040	1045	1050
Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp	Lys Gln Ser Gly Lys	Thr Ile Leu
1055	1060	1065
Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly	Phe Ala Asn Arg Asn	Phe Met Gln

1070	1075	1080
Leu Ile His Asp Asp Ser Leu	Thr Phe Lys Glu Asp	Ile Gln Lys
1085	1090	1095
Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly	Asp Ser Leu His Glu	His Ile Ala
1100	1105	1110
Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala	Ile Lys Lys Gly Ile	Leu Gln Thr
1115	1120	1125
Val Lys Val Val Asp Glu Leu	Val Lys Val Met Gly	Arg His Lys

1130	1135	1140
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu	Met Ala Arg Glu Asn	Gln Thr Thr
1145	1150	1155
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser	Arg Glu Arg Met Lys	Arg Ile Glu
1160	1165	1170
Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly	Ser Gln Ile Leu Lys	Glu His Pro
1175	1180	1185
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln	Asn Glu Lys Leu Tyr	Leu Tyr Tyr

1190	1195	1200
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met	Tyr Val Asp Gln Glu	Leu Asp Ile
1205	1210	1215
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp	Val Asp His Ile Val	Pro Gln Ser
1220	1225	1230
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile	Asp Asn Lys Val Leu	Thr Arg Ser
1235	1240	1245

Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val

1250 1255 1260

Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys

1265 1270 1275

Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg

1280 1285 1290

Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln

1295 1300 1305

Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu

1310 1315 1320

Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile

1325 1330 1335

Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp

1340 1345 1350

Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn

1355 1360 1365

Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr

1370 1375 1380

Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr

1385 1390 1395

Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser

1400 1405 1410

Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser

1415 1420 1425

Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly

1430 1435 1440

Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly

1445 1450 1455

Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys

1460 1465 1470

Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val

1475 1480 1485
Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn

1490 1495 1500
Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys

1505 1510 1515
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val

1520 1525 1530
Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val

1535 1540 1545
Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu

1550 1555 1560
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val

1565 1570 1575
Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu

1580 1585 1590
Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu

1595 1600 1605
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe

1610 1615 1620
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu

1625 1630 1635
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr

1640 1645 1650
Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val

1655 1660 1665
Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn

1670 1675 1680
Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile

1685 1690 1695
His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys

1700 1705 1710

Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys

1715 1720 1725

Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu

1730 1735 1740

Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly

1745 1750 1755

Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val

1760 1765

<210> 464

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 464

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130	135	140	
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys			
145	150	155	160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser			
	165	170	175
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser			
	180	185	190
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr			
195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
	245	250	255
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
	325	330	335
Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	

Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
385 390 395 400

Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
405 410 415

Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
420 425 430

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
435 440 445

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
450 455 460

Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
465 470 475 480

Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
485 490 495

Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
500 505 510

Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
515 520 525

Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
530 535 540

Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
545 550 555 560

Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
565 570 575

Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
580 585 590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
595 600 605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu

625	630	635	640
Ser Leu Gly Leu Thr	Pro Asn Phe Lys Ser	Asn Phe Asp Leu Ala Glu	
	645	650	655
Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp			
660	665	670	
Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala			
675	680	685	
Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val			
690	695	700	
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg			
705	710	715	720
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg			
725	730	735	
Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys			
740	745	750	
Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe			
755	760	765	
Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu			
770	775	780	
Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr			
785	790	795	800
Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His			
805	810	815	
Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn			
820	825	830	
Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val			
835	840	845	
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys			
850	855	860	
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys

885 890 895

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu

900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu

915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile

930 935 940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu

945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile

965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

980 985 990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn

995 1000 1005

Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu

1010 1015 1020

Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu

1025 1030 1035

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

1040 1045 1050

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp

1055 1060 1065

Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly

1070 1075 1080

Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu

1085 1090 1095

Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly

1100 1105 1110

Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe		
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp		
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys		
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr		
1340	1345	1350

Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe		
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		

1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745	1750	1755
Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser	Gly Gly Ser Pro Lys	Lys Lys Arg
1760	1765	1770
Lys Val		
1775		
<210>	465	
<211>	1775	
<212>	PRT	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	Synthetic Polypeptide	

<400> 465

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg

210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly

225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
 245 250 255
 Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270
 Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285

 Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
 290 295 300
 Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
 305 310 315 320
 Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335
 Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln
 340 345 350

 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400
 Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
 405 410 415

 Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
 420 425 430
 Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480

 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg

485	490	495
Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His		
500	505	510
Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr		
515	520	525
Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys		
530	535	540
Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe		
545	550	555
Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp		
565	570	575
Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe		
580	585	590
Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu		
595	600	605
Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln		
610	615	620
Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu		
625	630	635
Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu		
645	650	655
Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp		
660	665	670
Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala		
675	680	685
Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val		
690	695	700
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg		
705	710	715
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg		
725	730	735

Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
740 745 750

Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
755 760 765

Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
770 775 780

Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
785 790 795 800

Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
820 825 830

Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
835 840 845

Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys
850 855 860

Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys
865 870 875 880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
885 890 895

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
930 935 940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

980	985	990
Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys	Asp Phe Leu Asp Asn	Glu Glu Asn
995	1000	1005
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile	Val Leu Thr Leu Thr	Leu Phe Glu
1010	1015	1020
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu	Arg Leu Lys Thr Tyr	Ala His Leu
1025	1030	1035
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys	Gln Leu Lys Arg Arg	Arg Tyr Thr
1040	1045	1050
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg	Lys Leu Ile Asn Gly	Ile Arg Asp
1055	1060	1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile	Leu Asp Phe Leu Lys	Ser Asp Gly
1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met	Gln Leu Ile His Asp	Asp Ser Leu
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln	Lys Ala Gln Val Ser	Gly Gln Gly
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile	Ala Asn Leu Ala Gly	Ser Pro Ala
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln	Thr Val Lys Val Val	Asp Glu Leu
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His	Lys Pro Glu Asn Ile	Val Ile Glu
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215

Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu

1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asp Lys Gly
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
1685 1690 1695

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1700 1705 1710

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1715 1720 1725

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1730 1735 1740

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 466

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 466

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg
210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
245 250 255

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
325 330 335

Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln

340	345	350
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly		
355	360	365
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
370	375	380
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys		
385	390	395
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val		
405	410	415
Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly		
420	425	430
Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu		
435	440	445
Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala		
450	455	460
Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu		
465	470	475
Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg		
485	490	495
Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His		
500	505	510
Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr		
515	520	525
Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys		
530	535	540
Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe		
545	550	555
Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp		
565	570	575
Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe		
580	585	590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620

 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685

 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750

 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780
 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
 805 810 815

 Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
 820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

835	840	845	
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys			
850	855	860	
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys			
885	890	895	
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu			
900	905	910	
Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu			
915	920	925	
Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile			
930	935	940	
Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu			
945	950	955	960
Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile			
965	970	975	
Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp			
980	985	990	
Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn			
995	1000	1005	
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu			
1010	1015	1020	
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu			
1025	1030	1035	
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
1040	1045	1050	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp			
1055	1060	1065	
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly			
1070	1075	1080	

Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met	Gln Leu Ile His Asp	Asp Ser Leu
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln	Lys Ala Gln Val Ser	Gly Gln Gly
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile	Ala Asn Leu Ala Gly	Ser Pro Ala
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln	Thr Val Lys Val Val	Asp Glu Leu
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His	Lys Pro Glu Asn Ile	Val Ile Glu
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile

1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asp Lys Gly
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545

Lys Ser	Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560	
Ile Met	Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575	
Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590	
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605	
Met Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620	
Leu Pro	Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635	
Glu Lys	Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650	
Phe Val	Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665	
Ile Ser	Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680	
Asp Lys	Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695	
Arg Glu	Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710	
Leu Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725	
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740	
Ile His	Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745	1750	1755	
Ser Gln	Leu Gly Gly Asp Ser	Gly Gly Ser Pro Lys	Lys Lys Arg
1760	1765	1770	
Lys Val			
1775			

<210> 467

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 467

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
325	330	335	
Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys			
385	390	395	400
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val			
405	410	415	
Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly			
420	425	430	
Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu			
435	440	445	

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495
 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
 500 505 510

 Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
 515 520 525
 Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
 530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
 545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
 565 570 575

 Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
 580 585 590
 Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620
 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640

 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val

690	695	700	
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg			
705	710	715	720
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg			
	725	730	735
Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys			
	740	745	750
Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe			
	755	760	765
Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu			
	770	775	780
Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr			
785	790	795	800
Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His			
	805	810	815
Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn			
	820	825	830
Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val			
	835	840	845
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys			
	850	855	860
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys			
	885	890	895
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu			
	900	905	910
Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu			
	915	920	925
Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile			
	930	935	940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
980 985 990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
995 1000 1005

Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
1010 1015 1020

Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
1025 1030 1035

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
1040 1045 1050

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
1055 1060 1065

Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly
1070 1075 1080

Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu
1085 1090 1095

Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly
1100 1105 1110

Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala
1115 1120 1125

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu
1130 1135 1140

Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu
1145 1150 1155

Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser
1160 1165 1170

Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly

1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410

Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg		
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu		

1640 1645 1650
 Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
 1655 1660 1665
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1670 1675 1680

 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1685 1690 1695
 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1700 1705 1710
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
 1715 1720 1725
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1730 1735 1740

 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1745 1750 1755
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
 1760 1765 1770
 Lys Val
 1775
 <210> 468
 <211> 1775
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 468
 Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15

 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80

 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140

 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
 165 170 175
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser
 180 185 190
 Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
 195 200 205

 Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Arg Asp Glu Arg
 210 215 220
 Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
 225 230 235 240
 Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
 245 250 255
 Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270

 Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285
 Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
 290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
 305 310 315 320
 Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335

 Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
 340 345 350
 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400

 Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
 405 410 415
 Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
 420 425 430
 Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460

 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495
 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
 500 505 510
 Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
 515 520 525

 Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
 530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe

545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
 565 570 575
 Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
 580 585 590

 Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620
 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655

 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720

 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750
 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780

 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800

Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His

805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn

820 825 830

Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

835 840 845

Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys

850 855 860

Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys

865 870 875 880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys

885 890 895

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu

900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu

915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile

930 935 940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu

945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile

965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

980 985 990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn

995 1000 1005

Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu

1010 1015 1020

Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu

1025 1030 1035

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

1040	1045	1050
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp		
1055	1060	1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly		
1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu		
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly		
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275

Trp Arg	Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290	
Asp Asn	Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305	
Lys Ala	Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320	
Thr Lys	His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335	
Tyr Asp	Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350	
Leu Lys	Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365	
Tyr Lys	Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380	
Tyr Leu	Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395	
Lys Leu	Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410	
Val Arg	Lys Met Ile Ala Lys	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1415	1420	1425	
Thr Ala	Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1430	1435	1440	
Thr Glu	Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu
1445	1450	1455	
Ile Glu	Thr Asn Gly Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asp Lys Gly
1460	1465	1470	
Arg Asp	Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485	
Asn Ile	Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500	
Glu Ser	Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg

1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
1760 1765 1770

Lys Val
1775

<210> 469

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 469

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
1 5 10 15
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro
35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
 165 170 175
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser
 180 185 190
 Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
 195 200 205
 Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg
 210 215 220

 Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
 225 230 235 240
 Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
 245 250 255
 Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270
 Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285

 Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
 290 295 300
 Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
 305 310 315 320
 Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335
 Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln
 340 345 350

 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400

Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
405 410 415

Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
420 425 430

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
435 440 445

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
450 455 460

Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
465 470 475 480

Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
485 490 495

Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
500 505 510

Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
515 520 525

Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
530 535 540

Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
545 550 555 560

Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
565 570 575

Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
580 585 590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
595 600 605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
625 630 635 640

Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu

645	650	655	
Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp			
660	665	670	
Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala			
675	680	685	
Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val			
690	695	700	
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg			
705	710	715	720
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg			
725	730	735	
Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys			
740	745	750	
Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe			
755	760	765	
Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu			
770	775	780	
Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr			
785	790	795	800
Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His			
805	810	815	
Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn			
820	825	830	
Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val			
835	840	845	
Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys			
850	855	860	
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys			
885	890	895	

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
 900 905 910
 Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
 915 920 925

 Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
 930 935 940
 Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
 945 950 955 960
 Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
 965 970 975
 Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
 980 985 990

 Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
 995 1000 1005
 Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
 1010 1015 1020
 Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
 1025 1030 1035
 Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
 1040 1045 1050

 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 1055 1060 1065
 Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly
 1070 1075 1080
 Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu
 1085 1090 1095
 Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly
 1100 1105 1110

 Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala
 1115 1120 1125
 Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu

1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His	Lys Pro Glu Asn Ile	Val Ile Glu
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365

Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg		

1595 1600 1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala
1610 1615 1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr
1625 1630 1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
1640 1645 1650

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln
1655 1660 1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
1670 1675 1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
1685 1690 1695
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1700 1705 1710

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1715 1720 1725
Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1730 1735 1740
Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 470

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 470

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1	5	10	15
Thr	Leu	Ala	Lys
Arg	Ala	Trp	Asp
Glu	Arg	Glu	Val
Pro	Val	Gly	Ala
20	25	30	
Val	Leu	Val	His
Asn	Asn	Arg	Val
Ile	Gly	Glu	Gly
Trp	Asn	Arg	Pro
35	40	45	
Ile	Gly	Arg	His
Asp	Pro	Thr	Ala
His	Ala	Glu	Ile
Met	Ala	Leu	Arg
50	55	60	
Gln	Gly	Gly	Leu
Val	Met	Gln	Asn
Tyr	Arg	Leu	Ile
Asp	Ala	Thr	Leu
65	70	75	80
Tyr	Val	Thr	Leu
Glu	Pro	Cys	Val
Met	Cys	Ala	Gly
Ala	Met	Ile	His
85	90	95	
Ser	Arg	Ile	Gly
Arg	Val	Val	Phe
Gly	Ala	Arg	Asp
Ala	Lys	Thr	Gly
100	105	110	
Ala	Ala	Gly	Ser
Leu	Met	Asp	Val
Leu	His	His	Pro
Gly	Met	Asn	His
115	120	125	
Arg	Val	Glu	Ile
Thr	Glu	Gly	Ile
Leu	Ala	Asp	Glu
Cys	Ala	Ala	Leu
130	135	140	
Leu	Ser	Asp	Phe
Phe	Arg	Met	Arg
Arg	Gln	Glu	Ile
Lys	Ala	Gln	Lys
145	150	155	160
Lys	Ala	Gln	Ser
Ser	Thr	Asp	Ser
Gly	Gly	Ser	Ser
Gly	Gly	Ser	Ser
165	170	175	
Gly	Ser	Glu	Thr
Pro	Gly	Thr	Ser
Glu	Ser	Ala	Thr
Pro	Glu	Ser	Ser
180	185	190	
Gly	Gly	Ser	Ser
Gly	Gly	Ser	Ser
Glu	Val	Glu	Phe
Ser	His	Glu	Tyr
195	200	205	
Trp	Met	Arg	His
Ala	Leu	Thr	Leu
Ala	Lys	Arg	Ala
Leu	Asp	Glu	Arg
210	215	220	
Glu	Val	Pro	Val
Gly	Ala	Val	Leu
Val	Leu	Val	Leu
Asn	Asn	Arg	Val
Ile	Gly		
225	230	235	240
Glu	Gly	Trp	Asn
Arg	Ala	Ile	Gly
Leu	His	Asp	Pro
Thr	Ala	His	Ala
245	250	255	

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270
 Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285
 Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
 290 295 300

 Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
 305 310 315 320
 Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
 325 330 335
 Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
 340 345 350
 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365

 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400
 Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
 405 410 415
 Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
 420 425 430

 Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495

 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His

500	505	510	
Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr			
515	520	525	
Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys			
530	535	540	
Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe			
545	550	555	560
Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp			
565	570	575	
Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe			
580	585	590	
Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu			
595	600	605	
Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln			
610	615	620	
Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu			
625	630	635	640
Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu			
645	650	655	
Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp			
660	665	670	
Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala			
675	680	685	
Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val			
690	695	700	
Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg			
705	710	715	720
Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg			
725	730	735	
Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys			
740	745	750	

Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe

755 760 765

Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu

770 775 780

Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr

785 790 795 800

Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His

805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn

820 825 830

Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

835 840 845

Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys

850 855 860

Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys

865 870 875 880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys

885 890 895

Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu

900 905 910

Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu

915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile

930 935 940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu

945 950 955 960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile

965 970 975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

980 985 990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn

995	1000	1005
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu		
1010	1015	1020
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu		
1025	1030	1035
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr		
1040	1045	1050
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp		
1055	1060	1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly		
1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu		
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly		
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		
1220	1225	1230

Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe		
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp		
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys		
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr		
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe		
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		

1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val	Arg Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
1700 1705 1710

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp
1715 1720 1725

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
1730 1735 1740

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 471

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 471

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His
115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Arg Asp Glu Arg
210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
245 250 255

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
325 330 335

Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
340 345 350

Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly

355	360	365
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser		
370	375	380
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys		
385	390	395
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val		
405	410	415
Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly		
420	425	430
Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu		
435	440	445
Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala		
450	455	460
Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu		
465	470	475
Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg		
485	490	495
Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His		
500	505	510
Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr		
515	520	525
Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys		
530	535	540
Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe		
545	550	555
Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp		
565	570	575
Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe		
580	585	590
Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu		
595	600	605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
625 630 635 640

Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
645 650 655

Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
660 665 670

Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
675 680 685

Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
690 695 700

Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
705 710 715 720

Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
725 730 735

Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
740 745 750

Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
755 760 765

Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
770 775 780

Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
785 790 795 800

Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
820 825 830

Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
835 840 845

Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys

850	855	860	
Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys			
865	870	875	880
Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys			
	885	890	895
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu			
	900	905	910
Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu			
	915	920	925
Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile			
	930	935	940
Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu			
945	950	955	960
Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile			
	965	970	975
Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp			
	980	985	990
Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn			
	995	1000	1005
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu			
1010	1015	1020	
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu			
1025	1030	1035	
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr			
1040	1045	1050	
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp			
1055	1060	1065	
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly			
1070	1075	1080	
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu			
1085	1090	1095	

Thr Phe	Lys Glu Asp Ile Gln	Lys Ala Gln Val Ser	Gly Gln Gly
1100	1105	1110	
Asp Ser	Leu His Glu His Ile	Ala Asn Leu Ala Gly	Ser Pro Ala
1115	1120	1125	
Ile Lys	Lys Gly Ile Leu Gln	Thr Val Lys Val Val	Asp Glu Leu
1130	1135	1140	
Val Lys	Val Met Gly Arg His	Lys Pro Glu Asn Ile	Val Ile Glu
1145	1150	1155	
Met Ala	Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170	
Arg Glu	Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185	
Ser Gln	Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200	
Asn Glu	Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met
1205	1210	1215	
Tyr Val	Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230	
Val Asp	His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245	
Asp Asn	Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260	
Asp Asn	Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr
1265	1270	1275	
Trp Arg	Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290	
Asp Asn	Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305	
Lys Ala	Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320	
Thr Lys	His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys

1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser	Asp Phe Arg Lys Asp	Phe Gln Phe
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn	Asn Tyr His His Ala	His Asp Ala
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly	Thr Ala Leu Ile Lys	Lys Tyr Pro
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val	Tyr Gly Asp Tyr Lys	Val Tyr Asp
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys	Ser Glu Gln Glu Ile	Gly Lys Ala
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr	Ser Asn Ile Met Asn	Phe Phe Lys
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn	Gly Glu Ile Arg Lys	Arg Pro Leu
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr	Gly Glu Ile Val Trp	Asp Lys Gly
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg	Lys Val Leu Ser Met	Pro Gln Val
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu	Val Gln Thr Gly Gly	Phe Ser Lys
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550	1555	1560

Ile Met	Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575	
Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590	
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605	
Met Leu	Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610	1615	1620	
Leu Pro	Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635	
Glu Lys	Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650	
Phe Val	Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665	
Ile Ser	Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670	1675	1680	
Asp Lys	Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695	
Arg Glu	Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710	
Leu Gly	Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725	
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser Thr	Lys Glu Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730	1735	1740	
Ile His	Gln Ser Ile Thr Gly	Leu Tyr Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745	1750	1755	
Ser Gln	Leu Gly Gly Asp Ser	Gly Gly Ser Pro Lys	Lys Lys Arg
1760	1765	1770	
Lys Val			
1775			
<210>	472		
<211>	1767		

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 472

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg

210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
325	330	335	
Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	
Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly			
385	390	395	400
Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro			
405	410	415	
Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys			
420	425	430	
Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu			
435	440	445	
Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys			
450	455	460	

Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 465 470 475 480
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 485 490 495
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
 500 505 510
 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 515 520 525

 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 530 535 540
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 545 550 555 560
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 565 570 575
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 580 585 590

 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 595 600 605
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 610 615 620
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 625 630 635 640
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 645 650 655

 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 660 665 670
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 675 680 685
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 690 695 700
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu

705	710	715	720
Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys			
	725	730	735
Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp			
	740	745	750
Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu			
	755	760	765
Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu			
770	775	780	
Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His			
785	790	795	800
Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp			
	805	810	815
Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu			
	820	825	830
Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser			
835	840	845	
Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp			
850	855	860	
Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile			
865	870	875	880
Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu			
	885	890	895
Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu			
900	905	910	
Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu			
915	920	925	
Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn			
930	935	940	
Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile			
945	950	955	960

Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
965 970 975

Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
980 985 990

Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val
995 1000 1005

Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg
1010 1015 1020

Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
1025 1030 1035

Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys
1040 1045 1050

Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu
1055 1060 1065

Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln
1070 1075 1080

Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys
1085 1090 1095

Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala
1100 1105 1110

Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr
1115 1120 1125

Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys
1130 1135 1140

Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr
1145 1150 1155

Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu
1160 1165 1170

Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro
1175 1180 1185

Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr

1190	1195	1200
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile		
1205	1210	1215
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser		
1220	1225	1230
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser		
1235	1240	1245
Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val		
1250	1255	1260
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys		
1265	1270	1275
Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg		
1280	1285	1290
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln		
1295	1300	1305
Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu		
1310	1315	1320
Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile		
1325	1330	1335
Arg Glu Val Lys Val Ile Thr Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp		
1340	1345	1350
Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn		
1355	1360	1365
Tyr His His Ala His Asp Ala Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr		
1370	1375	1380
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr		
1385	1390	1395
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser		
1400	1405	1410
Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser		
1415	1420	1425

Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly		
1430	1435	1440
Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly		
1445	1450	1455
Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys		
1460	1465	1470
Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val		
1475	1480	1485
Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn		
1490	1495	1500
Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys		
1505	1510	1515
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val		
1520	1525	1530
Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val		
1535	1540	1545
Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu		
1550	1555	1560
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val		
1565	1570	1575
Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu		
1580	1585	1590
Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu		
1595	1600	1605
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe		
1610	1615	1620
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu		
1625	1630	1635
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr		
1640	1645	1650
Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val		

1655 1660 1665
 Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn
 1670 1675 1680
 Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile
 1685 1690 1695

 His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys
 1700 1705 1710
 Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys
 1715 1720 1725
 Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu
 1730 1735 1740
 Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly
 1745 1750 1755

 Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
 1760 1765
 <210> 473
 <211> 1767
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 473
 Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

 35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg
 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85	90	95	
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly			
100	105	110	
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His			
115	120	125	
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu			
130	135	140	
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys			
145	150	155	160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser			
165	170	175	
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser			
180	185	190	
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr			
195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
325	330	335	

Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
 340 345 350
 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
 385 390 395 400
 Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
 405 410 415
 Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
 420 425 430
 Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
 435 440 445
 Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys
 450 455 460
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 465 470 475 480
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 485 490 495
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
 500 505 510
 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 515 520 525
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 530 535 540
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 545 550 555 560
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 565 570 575
 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser

580 585 590
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 595 600 605
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly

610 615 620
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 625 630 635 640
 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 645 650 655
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 660 665 670
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile

675 680 685
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 690 695 700
 Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 705 710 715 720
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 725 730 735
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp

740 745 750
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 755 760 765
 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 770 775 780
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 785 790 795 800
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp

805 810 815
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 820 825 830

Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 835 840 845
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 850 855 860
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile

 865 870 875 880
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 885 890 895
 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 900 905 910
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 915 920 925
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn

 930 935 940
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile
 945 950 955 960
 Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn
 965 970 975
 Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys
 980 985 990
 Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val

 995 1000 1005
 Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg
 1010 1015 1020
 Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln
 1025 1030 1035
 Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys
 1040 1045 1050
 Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu

 1055 1060 1065
 Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln

1070	1075	1080
Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys		
1085	1090	1095
Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala		
1100	1105	1110
Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr		
1115	1120	1125
Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys		
1130	1135	1140
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr		
1145	1150	1155
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu		
1160	1165	1170
Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro		
1175	1180	1185
Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr		
1190	1195	1200
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile		
1205	1210	1215
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser		
1220	1225	1230
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser		
1235	1240	1245
Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val		
1250	1255	1260
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys		
1265	1270	1275
Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg		
1280	1285	1290
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln		
1295	1300	1305

Leu Val	Glu Thr Arg Gln Ile	Thr Lys His Val Ala	Gln Ile Leu
1310	1315	1320	
Asp Ser	Arg Met Asn Thr Lys	Tyr Asp Glu Asn Asp	Lys Leu Ile
1325	1330	1335	
Arg Glu	Val Lys Val Ile Thr	Leu Lys Ser Lys Leu	Val Ser Asp
1340	1345	1350	
Phe Arg	Lys Asp Phe Gln Phe	Tyr Lys Val Arg Glu	Ile Asn Asn
1355	1360	1365	
Tyr His	His Ala His Asp Ala	Tyr Leu Asn Ala Val	Val Gly Thr
1370	1375	1380	
Ala Leu	Ile Lys Lys Tyr Pro	Lys Leu Glu Ser Glu	Phe Val Tyr
1385	1390	1395	
Gly Asp	Tyr Lys Val Tyr Asp	Val Arg Lys Met Ile	Ala Lys Ser
1400	1405	1410	
Glu Gln	Glu Ile Gly Lys Ala	Thr Ala Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser
1415	1420	1425	
Asn Ile	Met Asn Phe Phe Lys	Thr Glu Ile Thr Leu	Ala Asn Gly
1430	1435	1440	
Glu Ile	Arg Lys Arg Pro Leu	Ile Glu Thr Asn Gly	Glu Thr Gly
1445	1450	1455	
Glu Ile	Val Trp Asp Lys Gly	Arg Asp Phe Ala Thr	Val Arg Lys
1460	1465	1470	
Val Leu	Ser Met Pro Gln Val	Asn Ile Val Lys Lys	Thr Glu Val
1475	1480	1485	
Gln Thr	Gly Gly Phe Ser Lys	Glu Ser Ile Leu Pro	Lys Arg Asn
1490	1495	1500	
Ser Asp	Lys Leu Ile Ala Arg	Lys Lys Asp Trp Asp	Pro Lys Lys
1505	1510	1515	
Tyr Gly	Gly Phe Asp Ser Pro	Thr Val Ala Tyr Ser	Val Leu Val
1520	1525	1530	
Val Ala	Lys Val Glu Lys Gly	Lys Ser Lys Lys Leu	Lys Ser Val

1535	1540	1545
Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr	Ile Met Glu Arg Ser	Ser Phe Glu
1550	1555	1560
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu	Glu Ala Lys Gly Tyr	Lys Glu Val
1565	1570	1575
Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys	Leu Pro Lys Tyr Ser	Leu Phe Glu
1580	1585	1590
Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg	Met Leu Ala Ser Ala	Gly Glu Leu

1595	1600	1605
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala	Leu Pro Ser Lys Tyr	Val Asn Phe
1610	1615	1620
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr	Glu Lys Leu Lys Gly	Ser Pro Glu
1625	1630	1635
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu	Phe Val Glu Gln His	Lys His Tyr
1640	1645	1650
Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln	Ile Ser Glu Phe Ser	Lys Arg Val

1655	1660	1665
Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu	Asp Lys Val Leu Ser	Ala Tyr Asn
1670	1675	1680
Lys His Arg Asp Lys Pro Ile	Arg Glu Gln Ala Glu	Asn Ile Ile
1685	1690	1695
His Leu Phe Thr Leu Thr Asn	Leu Gly Ala Pro Ala	Ala Phe Lys
1700	1705	1710
Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp	Arg Lys Arg Tyr Thr	Ser Thr Lys

1715	1720	1725
Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu	Ile His Gln Ser Ile	Thr Gly Leu
1730	1735	1740
Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu	Ser Gln Leu Gly Gly	Asp Ser Gly
1745	1750	1755
Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg	Lys Val	
1760	1765	

<210> 474

<211> 1767

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 474

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg
210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala
245 250 255

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His
305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
325 330 335

Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
340 345 350

Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
355 360 365

Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
370 375 380

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly
385 390 395 400

Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro
405 410 415

Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys
420 425 430

Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu
435 440 445

Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys

450 455 460
 Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys
 465 470 475 480
 Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu
 485 490 495
 Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp
 500 505 510

 Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys
 515 520 525
 Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu
 530 535 540
 Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly
 545 550 555 560
 Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu
 565 570 575

 Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser
 580 585 590
 Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg
 595 600 605
 Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly
 610 615 620
 Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe
 625 630 635 640

 Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys
 645 650 655
 Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp
 660 665 670
 Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile
 675 680 685
 Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro
 690 695 700

Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu
 705 710 715 720
 Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys
 725 730 735
 Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp
 740 745 750
 Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu
 755 760 765

 Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu
 770 775 780
 Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His
 785 790 795 800
 Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp
 805 810 815
 Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu
 820 825 830

 Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser
 835 840 845
 Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp
 850 855 860
 Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile
 865 870 875 880
 Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu
 885 890 895

 Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu
 900 905 910
 Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu
 915 920 925
 Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn
 930 935 940
 Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile

945	950	955	960
Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn			
	965	970	975
Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys			
	980	985	990
Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val			
	995	1000	1005
Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg			
1010	1015	1020	
Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln			
1025	1030	1035	
Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys			
1040	1045	1050	
Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu			
1055	1060	1065	
Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln			
1070	1075	1080	
Leu Ile His Asp Asp Ser Leu Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys			
1085	1090	1095	
Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala			
1100	1105	1110	
Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr			
1115	1120	1125	
Val Lys Val Val Asp Glu Leu Val Lys Val Met Gly Arg His Lys			
1130	1135	1140	
Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr			
1145	1150	1155	
Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu			
1160	1165	1170	
Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro			
1175	1180	1185	

Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln	Asn Glu Lys Leu Tyr	Leu Tyr Tyr
1190	1195	1200
Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met	Tyr Val Asp Gln Glu	Leu Asp Ile
1205	1210	1215
Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp	Val Asp His Ile Val	Pro Gln Ser
1220	1225	1230
Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile	Asp Asn Lys Val Leu	Thr Arg Ser
1235	1240	1245
Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser	Asp Asn Val Pro Ser	Glu Glu Val
1250	1255	1260
Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr	Trp Arg Gln Leu Leu	Asn Ala Lys
1265	1270	1275
Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe	Asp Asn Leu Thr Lys	Ala Glu Arg
1280	1285	1290
Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp	Lys Ala Gly Phe Ile	Lys Arg Gln
1295	1300	1305
Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile	Thr Lys His Val Ala	Gln Ile Leu
1310	1315	1320
Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys	Tyr Asp Glu Asn Asp	Lys Leu Ile
1325	1330	1335
Arg Glu Val Lys Val Ile Thr	Leu Lys Ser Lys Leu	Val Ser Asp
1340	1345	1350
Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe	Tyr Lys Val Arg Glu	Ile Asn Asn
1355	1360	1365
Tyr His His Ala His Asp Ala	Tyr Leu Asn Ala Val	Val Gly Thr
1370	1375	1380
Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro	Lys Leu Glu Ser Glu	Phe Val Tyr
1385	1390	1395
Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp	Val Arg Lys Met Ile	Ala Lys Ser
1400	1405	1410
Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala	Thr Ala Lys Tyr Phe	Phe Tyr Ser

1415	1420	1425
Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly		
1430	1435	1440
Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly		
1445	1450	1455
Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys		
1460	1465	1470
Val Leu Ser Met Pro Gln Val Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val		
1475	1480	1485
Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn		
1490	1495	1500
Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys		
1505	1510	1515
Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val		
1520	1525	1530
Val Ala Lys Val Glu Lys Gly Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val		
1535	1540	1545
Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu		
1550	1555	1560
Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val		
1565	1570	1575
Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu		
1580	1585	1590
Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu		
1595	1600	1605
Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe		
1610	1615	1620
Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu		
1625	1630	1635
Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr		
1640	1645	1650

Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val
1655 1660 1665

Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn
1670 1675 1680

Lys His Arg Asp Lys Pro Ile Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile
1685 1690 1695

His Leu Phe Thr Leu Thr Asn Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys
1700 1705 1710

Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys
1715 1720 1725

Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu
1730 1735 1740

Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly
1745 1750 1755

Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg Lys Val
1760 1765

<210> 475

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 475

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130 135 140

Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys

145 150 155 160

Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

180 185 190

Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr

195 200 205

Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg

210 215 220

Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly

225 230 235 240

Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala

245 250 255

Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg

260 265 270

Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys

275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val

290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His

305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala

325 330 335
 Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln

 340 345 350
 Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
 355 360 365
 Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
 370 375 380
 Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
 385 390 395 400
 Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val

 405 410 415
 Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
 420 425 430
 Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu

 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495
 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
 500 505 510
 Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
 515 520 525
 Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys

 530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
 545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
 565 570 575

Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
580 585 590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
595 600 605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
625 630 635 640

Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
645 650 655

Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
660 665 670

Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
675 680 685

Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
690 695 700

Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
705 710 715 720

Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
725 730 735

Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
740 745 750

Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
755 760 765

Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
770 775 780

Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
785 790 795 800

Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
805 810 815

Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn

820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
 835 840 845
 Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys

 850 855 860
 Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys
 865 870 875 880
 Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
 885 890 895
 Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
 900 905 910
 Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu

 915 920 925
 Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
 930 935 940
 Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
 945 950 955 960
 Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
 965 970 975
 Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

 980 985 990
 Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
 995 1000 1005
 Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
 1010 1015 1020
 Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
 1025 1030 1035
 Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

 1040 1045 1050
 Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
 1055 1060 1065

Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly		
1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu		
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly		
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe		
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp		

1295 1300 1305
 Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile
 1310 1315 1320
 Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys
 1325 1330 1335
 Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr

1340 1345 1350
 Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe
 1355 1360 1365
 Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala
 1370 1375 1380
 Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro
 1385 1390 1395
 Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp

1400 1405 1410
 Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala
 1415 1420 1425
 Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys
 1430 1435 1440
 Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu
 1445 1450 1455
 Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly

1460 1465 1470
 Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val
 1475 1480 1485
 Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys
 1490 1495 1500
 Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg
 1505 1510 1515
 Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro

1520 1525 1530

Thr Val	Ala Tyr Ser Val	Leu Val Val	Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535		1540		1545
Lys Ser	Lys Lys Leu Lys	Ser Val Lys	Glu Leu Leu	Gly Ile Thr
1550		1555		1560
Ile Met	Glu Arg Ser Ser	Phe Glu Lys	Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565		1570		1575
Glu Ala	Lys Gly Tyr Lys	Glu Val Lys	Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580		1585		1590
Leu Pro	Lys Tyr Ser Leu	Phe Glu Leu	Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595		1600		1605
Met Leu	Ala Ser Ala Gly	Glu Leu Gln	Lys Gly Asn	Glu Leu Ala
1610		1615		1620
Leu Pro	Ser Lys Tyr Val	Asn Phe Leu	Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625		1630		1635
Glu Lys	Leu Lys Gly Ser	Pro Glu Asp	Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640		1645		1650
Phe Val	Glu Gln His Lys	His Tyr Leu	Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655		1660		1665
Ile Ser	Glu Phe Ser Lys	Arg Val Ile	Leu Ala Asp	Ala Asn Leu
1670		1675		1680
Asp Lys	Val Leu Ser Ala	Tyr Asn Lys	His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685		1690		1695
Arg Glu	Gln Ala Glu Asn	Ile Ile His	Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700		1705		1710
Leu Gly	Ala Pro Ala Ala	Phe Lys Tyr	Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715		1720		1725
Arg Lys	Arg Tyr Thr Ser	Thr Lys Glu	Val Leu Asp	Ala Thr Leu
1730		1735		1740
Ile His	Gln Ser Ile Thr	Gly Leu Tyr	Glu Thr Arg	Ile Asp Leu
1745		1750		1755
Ser Gln	Leu Gly Gly Asp	Ser Gly Gly	Ser Pro Lys	Lys Lys Arg

1760	1765	1770
Lys Val		
1775		
<210>	476	
<211>	1775	
<212>	PRT	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	Synthetic Polypeptide	
<400>	476	
Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu		
1	5	10
Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala		
	20	25
Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro		
	35	40
Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg		
50	55	60
Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu		
65	70	75
Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His		
	85	90
Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly		
	100	105
Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His		
	115	120
Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu		
130	135	140
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys		
145	150	155
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser		
	165	170
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser		

180	185	190	
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr			
195	200	205	
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
245	250	255	
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
260	265	270	
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
325	330	335	
Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	
Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys			
385	390	395	400
Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val			
405	410	415	
Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly			
420	425	430	

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
 450 455 460
 Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
 485 490 495
 Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His
 500 505 510
 Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
 515 520 525
 Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys
 530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
 545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp
 565 570 575
 Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
 580 585 590
 Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620
 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu
 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala

675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys

 740 745 750
 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780
 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His

 805 810 815
 Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
 820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
 835 840 845
 Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys
 850 855 860
 Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys

 865 870 875 880
 Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
 885 890 895
 Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
 900 905 910
 Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
 915 920 925

Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile

930

935

940

Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu

945

950

955

960

Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile

965

970

975

Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp

980

985

990

Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn

995

1000

1005

Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu

1010

1015

1020

Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu

1025

1030

1035

Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr

1040

1045

1050

Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp

1055

1060

1065

Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly

1070

1075

1080

Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu

1085

1090

1095

Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly

1100

1105

1110

Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

1115

1120

1125

Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu

1130

1135

1140

Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu

1145

1150

1155

Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser

1160 1165 1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly

1175 1180 1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln

1190 1195 1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met

1205 1210 1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp

1220 1225 1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile

1235 1240 1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser

1250 1255 1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr

1265 1270 1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe

1280 1285 1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp

1295 1300 1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile

1310 1315 1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys

1325 1330 1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr

1340 1345 1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe

1355 1360 1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala

1370 1375 1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro

1385 1390 1395

Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg		
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala		
1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr		

1625 1630 1635
 Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu
 1640 1645 1650
 Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1655 1660 1665
 Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu
 1670 1675 1680
 Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile
 1685 1690 1695
 Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn
 1700 1705 1710
 Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1715 1720 1725
 Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu
 1730 1735 1740
 Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu
 1745 1750 1755
 Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg
 1760 1765 1770
 Lys Val
 1775

<210> 477

<211> 1775

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 477

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala
 20 25 30
 Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45
 Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

 50 55 60
 Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His
 85 90 95
 Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

 115 120 125
 Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu
 130 135 140
 Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys
 145 150 155 160
 Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser
 165 170 175
 Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser

 180 185 190
 Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr
 195 200 205
 Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Leu Asp Glu Arg
 210 215 220
 Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly
 225 230 235 240
 Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala

 245 250 255
 Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg
 260 265 270
 Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys
 275 280 285

Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val
290 295 300

Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His

305 310 315 320

Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala
325 330 335

Asp Glu Cys Asn Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln
340 345 350

Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly
355 360 365

Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

370 375 380

Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys
385 390 395 400

Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val
405 410 415

Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly
420 425 430

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu

435 440 445

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala
450 455 460

Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu
465 470 475 480

Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg
485 490 495

Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His

500 505 510

Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr
515 520 525

Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys

530 535 540
 Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe
 545 550 555 560
 Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp

 565 570 575
 Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe
 580 585 590
 Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu
 595 600 605
 Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln
 610 615 620
 Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu

 625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu
 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val

 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg
 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750
 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe

 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu
 770 775 780

Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
 805 810 815
 Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
 820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val
 835 840 845
 Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys
 850 855 860
 Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys
 865 870 875 880
 Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
 885 890 895
 Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
 900 905 910
 Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
 915 920 925
 Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
 930 935 940
 Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
 945 950 955 960
 Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
 965 970 975
 Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
 980 985 990
 Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
 995 1000 1005
 Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
 1010 1015 1020
 Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu

1025	1030	1035
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr		
1040	1045	1050
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp		
1055	1060	1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly		

1070	1075	1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu		
1085	1090	1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly		
1100	1105	1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala		
1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln Thr Val Lys Val Val Asp Glu Leu		

1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His Lys Pro Glu Asn Ile Val Ile Glu		
1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr Thr Gln Lys Gly Gln Lys Asn Ser		
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile Glu Glu Gly Ile Lys Glu Leu Gly		
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His Pro Val Glu Asn Thr Gln Leu Gln		

1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Gln Asn Gly Arg Asp Met		
1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp Ile Asn Arg Leu Ser Asp Tyr Asp		
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln Ser Phe Leu Lys Asp Asp Ser Ile		
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg Ser Asp Lys Asn Arg Gly Lys Ser		

1250	1255	1260

Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu Val Val Lys Lys Met Lys Asn Tyr		
1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala Lys Leu Ile Thr Gln Arg Lys Phe		
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu Arg Gly Gly Leu Ser Glu Leu Asp		
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg Gln Leu Val Glu Thr Arg Gln Ile		
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile Leu Asp Ser Arg Met Asn Thr Lys		
1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ile Arg Glu Val Lys Val Ile Thr		
1340	1345	1350
Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe		
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		

1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg	Asn Ser Asp Lys Leu	Ile Ala Arg
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys	Lys Tyr Gly Gly Phe	Asp Ser Pro
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu	Val Val Ala Lys Val	Glu Lys Gly
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser	Val Lys Glu Leu Leu	Gly Ile Thr

1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe	Glu Lys Asn Pro Ile	Asp Phe Leu
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu	Val Lys Lys Asp Leu	Ile Ile Lys
1580	1585	1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe	Glu Leu Glu Asn Gly	Arg Lys Arg
1595	1600	1605
Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu	Leu Gln Lys Gly Asn	Glu Leu Ala

1610	1615	1620
Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn	Phe Leu Tyr Leu Ala	Ser His Tyr
1625	1630	1635
Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro	Glu Asp Asn Glu Gln	Lys Gln Leu
1640	1645	1650
Phe Val Glu Gln His Lys His	Tyr Leu Asp Glu Ile	Ile Glu Gln
1655	1660	1665
Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg	Val Ile Leu Ala Asp	Ala Asn Leu

1670	1675	1680
Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr	Asn Lys His Arg Asp	Lys Pro Ile
1685	1690	1695
Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile	Ile His Leu Phe Thr	Leu Thr Asn
1700	1705	1710
Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe	Lys Tyr Phe Asp Thr	Thr Ile Asp
1715	1720	1725

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1730 1735 1740

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg

1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 478

<211> 1775

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 478

Met Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu

1 5 10 15

Thr Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala

20 25 30

Val Leu Val His Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Pro

35 40 45

Ile Gly Arg His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg

50 55 60

Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Val Thr Leu Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His

85 90 95

Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Ala Arg Asp Ala Lys Thr Gly

100 105 110

Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His His Pro Gly Met Asn His

115 120 125

Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu

130	135	140	
Leu Ser Asp Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Glu Ile Lys Ala Gln Lys			
145	150	155	160
Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser			
	165	170	175
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Ser			
	180	185	190
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr			
	195	200	205
Trp Met Arg His Ala Leu Thr Leu Ala Lys Arg Ala Arg Asp Glu Arg			
210	215	220	
Glu Val Pro Val Gly Ala Val Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly			
225	230	235	240
Glu Gly Trp Asn Arg Ala Ile Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala			
	245	250	255
Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg			
	260	265	270
Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys			
275	280	285	
Ala Gly Ala Met Ile His Ser Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val			
290	295	300	
Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His			
305	310	315	320
Tyr Pro Gly Met Asn His Arg Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala			
	325	330	335
Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu Cys Tyr Phe Phe Arg Met Pro Arg Gln			
340	345	350	
Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys Ala Gln Ser Ser Thr Asp Ser Gly Gly			
355	360	365	
Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser			
370	375	380	

Ala Thr Pro Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ser Asp Lys Lys

385 390 395 400

Tyr Ser Ile Gly Leu Ala Ile Gly Thr Asn Ser Val Gly Trp Ala Val

405 410 415

Ile Thr Asp Glu Tyr Lys Val Pro Ser Lys Lys Phe Lys Val Leu Gly

420 425 430

Asn Thr Asp Arg His Ser Ile Lys Lys Asn Leu Ile Gly Ala Leu Leu

435 440 445

Phe Asp Ser Gly Glu Thr Ala Glu Ala Thr Arg Leu Lys Arg Thr Ala

450 455 460

Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Lys Asn Arg Ile Cys Tyr Leu Gln Glu

465 470 475 480

Ile Phe Ser Asn Glu Met Ala Lys Val Asp Asp Ser Phe Phe His Arg

485 490 495

Leu Glu Glu Ser Phe Leu Val Glu Glu Asp Lys Lys His Glu Arg His

500 505 510

Pro Ile Phe Gly Asn Ile Val Asp Glu Val Ala Tyr His Glu Lys Tyr

515 520 525

Pro Thr Ile Tyr His Leu Arg Lys Lys Leu Val Asp Ser Thr Asp Lys

530 535 540

Ala Asp Leu Arg Leu Ile Tyr Leu Ala Leu Ala His Met Ile Lys Phe

545 550 555 560

Arg Gly His Phe Leu Ile Glu Gly Asp Leu Asn Pro Asp Asn Ser Asp

565 570 575

Val Asp Lys Leu Phe Ile Gln Leu Val Gln Thr Tyr Asn Gln Leu Phe

580 585 590

Glu Glu Asn Pro Ile Asn Ala Ser Gly Val Asp Ala Lys Ala Ile Leu

595 600 605

Ser Ala Arg Leu Ser Lys Ser Arg Arg Leu Glu Asn Leu Ile Ala Gln

610 615 620

Leu Pro Gly Glu Lys Lys Asn Gly Leu Phe Gly Asn Leu Ile Ala Leu

625 630 635 640
 Ser Leu Gly Leu Thr Pro Asn Phe Lys Ser Asn Phe Asp Leu Ala Glu

 645 650 655
 Asp Ala Lys Leu Gln Leu Ser Lys Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Leu Asp
 660 665 670
 Asn Leu Leu Ala Gln Ile Gly Asp Gln Tyr Ala Asp Leu Phe Leu Ala
 675 680 685
 Ala Lys Asn Leu Ser Asp Ala Ile Leu Leu Ser Asp Ile Leu Arg Val
 690 695 700
 Asn Thr Glu Ile Thr Lys Ala Pro Leu Ser Ala Ser Met Ile Lys Arg

 705 710 715 720
 Tyr Asp Glu His His Gln Asp Leu Thr Leu Leu Lys Ala Leu Val Arg
 725 730 735
 Gln Gln Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Glu Ile Phe Phe Asp Gln Ser Lys
 740 745 750
 Asn Gly Tyr Ala Gly Tyr Ile Asp Gly Gly Ala Ser Gln Glu Glu Phe
 755 760 765
 Tyr Lys Phe Ile Lys Pro Ile Leu Glu Lys Met Asp Gly Thr Glu Glu

 770 775 780
 Leu Leu Val Lys Leu Asn Arg Glu Asp Leu Leu Arg Lys Gln Arg Thr
 785 790 795 800
 Phe Asp Asn Gly Ser Ile Pro His Gln Ile His Leu Gly Glu Leu His
 805 810 815
 Ala Ile Leu Arg Arg Gln Glu Asp Phe Tyr Pro Phe Leu Lys Asp Asn
 820 825 830
 Arg Glu Lys Ile Glu Lys Ile Leu Thr Phe Arg Ile Pro Tyr Tyr Val

 835 840 845
 Gly Pro Leu Ala Arg Gly Asn Ser Arg Phe Ala Trp Met Thr Arg Lys
 850 855 860
 Ser Glu Glu Thr Ile Thr Pro Trp Asn Phe Glu Glu Val Val Asp Lys
 865 870 875 880

Gly Ala Ser Ala Gln Ser Phe Ile Glu Arg Met Thr Asn Phe Asp Lys
885 890 895
Asn Leu Pro Asn Glu Lys Val Leu Pro Lys His Ser Leu Leu Tyr Glu
900 905 910
Tyr Phe Thr Val Tyr Asn Glu Leu Thr Lys Val Lys Tyr Val Thr Glu
915 920 925
Gly Met Arg Lys Pro Ala Phe Leu Ser Gly Glu Gln Lys Lys Ala Ile
930 935 940
Val Asp Leu Leu Phe Lys Thr Asn Arg Lys Val Thr Val Lys Gln Leu
945 950 955 960
Lys Glu Asp Tyr Phe Lys Lys Ile Glu Cys Phe Asp Ser Val Glu Ile
965 970 975
Ser Gly Val Glu Asp Arg Phe Asn Ala Ser Leu Gly Thr Tyr His Asp
980 985 990
Leu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asp Phe Leu Asp Asn Glu Glu Asn
995 1000 1005
Glu Asp Ile Leu Glu Asp Ile Val Leu Thr Leu Thr Leu Phe Glu
1010 1015 1020
Asp Arg Glu Met Ile Glu Glu Arg Leu Lys Thr Tyr Ala His Leu
1025 1030 1035
Phe Asp Asp Lys Val Met Lys Gln Leu Lys Arg Arg Arg Tyr Thr
1040 1045 1050
Gly Trp Gly Arg Leu Ser Arg Lys Leu Ile Asn Gly Ile Arg Asp
1055 1060 1065
Lys Gln Ser Gly Lys Thr Ile Leu Asp Phe Leu Lys Ser Asp Gly
1070 1075 1080
Phe Ala Asn Arg Asn Phe Met Gln Leu Ile His Asp Asp Ser Leu
1085 1090 1095
Thr Phe Lys Glu Asp Ile Gln Lys Ala Gln Val Ser Gly Gln Gly
1100 1105 1110
Asp Ser Leu His Glu His Ile Ala Asn Leu Ala Gly Ser Pro Ala

1115	1120	1125
Ile Lys Lys Gly Ile Leu Gln	Thr Val Lys Val Val	Asp Glu Leu
1130	1135	1140
Val Lys Val Met Gly Arg His	Lys Pro Glu Asn Ile	Val Ile Glu

1145	1150	1155
Met Ala Arg Glu Asn Gln Thr	Thr Gln Lys Gly Gln	Lys Asn Ser
1160	1165	1170
Arg Glu Arg Met Lys Arg Ile	Glu Glu Gly Ile Lys	Glu Leu Gly
1175	1180	1185
Ser Gln Ile Leu Lys Glu His	Pro Val Glu Asn Thr	Gln Leu Gln
1190	1195	1200
Asn Glu Lys Leu Tyr Leu Tyr	Tyr Leu Gln Asn Gly	Arg Asp Met

1205	1210	1215
Tyr Val Asp Gln Glu Leu Asp	Ile Asn Arg Leu Ser	Asp Tyr Asp
1220	1225	1230
Val Asp His Ile Val Pro Gln	Ser Phe Leu Lys Asp	Asp Ser Ile
1235	1240	1245
Asp Asn Lys Val Leu Thr Arg	Ser Asp Lys Asn Arg	Gly Lys Ser
1250	1255	1260
Asp Asn Val Pro Ser Glu Glu	Val Val Lys Lys Met	Lys Asn Tyr

1265	1270	1275
Trp Arg Gln Leu Leu Asn Ala	Lys Leu Ile Thr Gln	Arg Lys Phe
1280	1285	1290
Asp Asn Leu Thr Lys Ala Glu	Arg Gly Gly Leu Ser	Glu Leu Asp
1295	1300	1305
Lys Ala Gly Phe Ile Lys Arg	Gln Leu Val Glu Thr	Arg Gln Ile
1310	1315	1320
Thr Lys His Val Ala Gln Ile	Leu Asp Ser Arg Met	Asn Thr Lys

1325	1330	1335
Tyr Asp Glu Asn Asp Lys Leu	Ile Arg Glu Val Lys	Val Ile Thr
1340	1345	1350

Leu Lys Ser Lys Leu Val Ser Asp Phe Arg Lys Asp Phe Gln Phe		
1355	1360	1365
Tyr Lys Val Arg Glu Ile Asn Asn Tyr His His Ala His Asp Ala		
1370	1375	1380
Tyr Leu Asn Ala Val Val Gly Thr Ala Leu Ile Lys Lys Tyr Pro		
1385	1390	1395
Lys Leu Glu Ser Glu Phe Val Tyr Gly Asp Tyr Lys Val Tyr Asp		
1400	1405	1410
Val Arg Lys Met Ile Ala Lys Ser Glu Gln Glu Ile Gly Lys Ala		
1415	1420	1425
Thr Ala Lys Tyr Phe Phe Tyr Ser Asn Ile Met Asn Phe Phe Lys		
1430	1435	1440
Thr Glu Ile Thr Leu Ala Asn Gly Glu Ile Arg Lys Arg Pro Leu		
1445	1450	1455
Ile Glu Thr Asn Gly Glu Thr Gly Glu Ile Val Trp Asp Lys Gly		
1460	1465	1470
Arg Asp Phe Ala Thr Val Arg Lys Val Leu Ser Met Pro Gln Val		
1475	1480	1485
Asn Ile Val Lys Lys Thr Glu Val Gln Thr Gly Gly Phe Ser Lys		
1490	1495	1500
Glu Ser Ile Leu Pro Lys Arg Asn Ser Asp Lys Leu Ile Ala Arg		
1505	1510	1515
Lys Lys Asp Trp Asp Pro Lys Lys Tyr Gly Gly Phe Asp Ser Pro		
1520	1525	1530
Thr Val Ala Tyr Ser Val Leu Val Val Ala Lys Val Glu Lys Gly		
1535	1540	1545
Lys Ser Lys Lys Leu Lys Ser Val Lys Glu Leu Leu Gly Ile Thr		
1550	1555	1560
Ile Met Glu Arg Ser Ser Phe Glu Lys Asn Pro Ile Asp Phe Leu		
1565	1570	1575
Glu Ala Lys Gly Tyr Lys Glu Val Lys Lys Asp Leu Ile Ile Lys		

1580 1585 1590
Leu Pro Lys Tyr Ser Leu Phe Glu Leu Glu Asn Gly Arg Lys Arg

1595 1600 1605

Met Leu Ala Ser Ala Gly Glu Leu Gln Lys Gly Asn Glu Leu Ala

1610 1615 1620

Leu Pro Ser Lys Tyr Val Asn Phe Leu Tyr Leu Ala Ser His Tyr

1625 1630 1635

Glu Lys Leu Lys Gly Ser Pro Glu Asp Asn Glu Gln Lys Gln Leu

1640 1645 1650

Phe Val Glu Gln His Lys His Tyr Leu Asp Glu Ile Ile Glu Gln

1655 1660 1665

Ile Ser Glu Phe Ser Lys Arg Val Ile Leu Ala Asp Ala Asn Leu

1670 1675 1680

Asp Lys Val Leu Ser Ala Tyr Asn Lys His Arg Asp Lys Pro Ile

1685 1690 1695

Arg Glu Gln Ala Glu Asn Ile Ile His Leu Phe Thr Leu Thr Asn

1700 1705 1710

Leu Gly Ala Pro Ala Ala Phe Lys Tyr Phe Asp Thr Thr Ile Asp

1715 1720 1725

Arg Lys Arg Tyr Thr Ser Thr Lys Glu Val Leu Asp Ala Thr Leu

1730 1735 1740

Ile His Gln Ser Ile Thr Gly Leu Tyr Glu Thr Arg Ile Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Gln Leu Gly Gly Asp Ser Gly Gly Ser Pro Lys Lys Lys Arg

1760 1765 1770

Lys Val

1775

<210> 479

<211> 166

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 479

Ser Glu Val Glu Phe Ser His Glu Tyr Trp Met Arg His Ala Leu Thr

1 5 10 15

Leu Ala Lys Arg Ala Trp Asp Glu Arg Glu Val Pro Val Gly Ala Val

20 25 30

Leu Val Leu Asn Asn Arg Val Ile Gly Glu Gly Trp Asn Arg Ser Ile

35 40 45

Gly Leu His Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Met Ala Leu Arg Gln

50 55 60

Gly Gly Leu Val Met Gln Asn Tyr Arg Leu Ile Asp Ala Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Val Thr Phe Glu Pro Cys Val Met Cys Ala Gly Ala Met Ile His Ser

85 90 95

Arg Ile Gly Arg Val Val Phe Gly Val Arg Asn Ala Lys Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Gly Ser Leu Met Asp Val Leu His Tyr Pro Gly Met Asn His Arg

115 120 125

Val Glu Ile Thr Glu Gly Ile Leu Ala Asp Glu Cys Ala Ala Leu Leu

130 135 140

Cys Tyr Phe Phe Arg Met Arg Arg Gln Val Phe Asn Ala Gln Lys Lys

145 150 155 160

Ala Gln Ser Ser Thr Asp

165